IAP15 Rec'd PCT/PTO 23 MAR 2006

Verfahren zum spezifischen Schnellnachweis getränkeschädlicher Mikroorganismen

- Die Erfindung betrifft ein Verfahren zum spezifischen Schnellnachweis getränkeschädlicher Mikroorganismen durch in situ-Hybridisierung. Weiter betrifft die Erfindung spezifische Oligonukleotidsonden, die im Rahmen des Nachweisverfahrens eingesetzt werden sowie Kits, die diese Oligonukleotidsonden enthalten.
- Unter dem Oberbegriff "Alkoholfreie Getränke" (AfG) werden Getränkegruppen wie Fruchtsäfte, Fruchtnektare, Fruchtkonzentrate, Fruchtpürees, Erfrischungsgetränke und Wässer zusammengefasst.
- Generell können alkoholfreie Getränke aufgrund ihrer sehr vielseitigen

 Zusammensetzung aus Nähr- und Wuchsstoffen als potenziell gefährdet durch das
 Wachstum eines breiten Spektrums von Mikroorganismen eingestuft werden.
 - Nach heutigem Kenntnisstand werden hauptsächlich Hefen, Schimmelpilze, Milchsäurebakterien, Essigsäurebakterien, Bazillen und Alicyclobazillen im AfG-
- Bereich vorgefunden und somit als "getränkeschädliche Mikroorganismen" beschrieben.
 - Die Kontaminationen mit diesen Mikroorganismen führen in der Regel nicht zu gesundheitlichen Schäden des Konsumenten, sie gehen aber meist mit Trübungen, Geschmacks- und Geruchsveränderungen des Endprodukts einher und führen durch
- einen daraus resultierenden Imageverlust zu hohen wirtschaftlichen Einbußen für die produzierende Industrie.
 - In Fruchtsäften und Fruchtnektaren können sich aufgrund der meist natürlicherweise hohen Konzentration an Fruchtsäuren und einem damit verbundenen niedrigen pH-
- Wert (pH-Bereich 2,5 bis 4,5) i.d.R. nur acidophile oder acidotolerante
 Mikroorganismen (z.B. Milchsäurebakterien, Alicyclobazillen, säuretolerante Hefe-

und Schimmelpilzarten) vermehren und somit zu einer Schädigung dieser Getränke führen.

Eine Maßnahme zur Einschränkung des Verderbs durch Mikroorganismen stellt die Carbonisierung von Getränken dar. Dieses Verfahren wird sehr häufig bei der Herstellung von Erfrischungsgetränken eingesetzt. Durch die Zugabe von CO₂ wird im Produkt ein nahezu anaerobes Milieu geschaffen und nur mikroaerophile, fakultativ anaerobe und anaerobe Mikroorganismen (z.B. Milchsäurebakterien, Essigsäurebakterien und Hefen) sind in der Lage, dieses Milieu zu tolerieren.

10

15

25

5

Stille Getränke werden in den meisten Fällen einem Pasteurisierungsprozess unterzogen, um eine lange Stabilität und Qualität dieser Produkte zu gewährleisten. Durch die Pasteurisierung sollen möglichst umfassend alle vegetativen Mikroorganismen abgetötet werden. Allerdings findet dadurch keine Eliminierung der durch Bazillen und Alicyclobazillen gebildeten Sporen statt. Zudem sind auch einige Schimmelpilzarten in der Lage, diesen Prozess ohne Schaden zu überstehen und nachfolgend Produktschäden hervorzurufen.

Ein entscheidender Faktor in der Gewährleistung der biologischen Qualität von

Getränken ist die Fahndung nach der Ursache der Kontamination, um diese endgültig
zu beseitigen.

Im Allgemeinen werden dabei zwei Kontaminationswege unterschieden: Als Primärkontamination werden Kontaminationen bezeichnet, bei denen Mikroorganismen durch die Rohstoffe oder durch Verunreinigungen im Prozess in das Produkt eingetragen werden.

Sekundärkontaminationen sind Kontaminationen, die nach der eigentlichen Produktion des Getränks im Abfüllbereich auftreten.

Die Herausforderung, die sich durch diese verschiedenen Faktoren an die 30 mikrobiologische Qualitätskontrolle stellt, besteht darin, umfassend und schnell alle im Produkt vorhandenen Keime zu identifizieren, um möglichst rasch entsprechende Gegenmaßnahmen einleiten zu können.

Bislang erfolgt der konventionelle Nachweis von AfG-Schädlingen durch mehrtägige

Anreicherung der Untersuchungsprobe in einem Selektivmedium und anschließende
Lichtmikroskopie. Zudem müssen zur genauen Bestimmung des AfG-Verderbers
weitere physiologische Tests (wie Gram-Färbung, Zuckerverwertungsreihen)
durchgeführt werden.

Die Nachteile dieser ausschließlich kultivierungsabhängigen Methode liegen in der langen Analysedauer, welche erhebliche logistische Kosten in den getränkeproduzierenden Betrieben verursacht. Darüber hinaus droht nach der Auslieferung von Produkten, deren mikrobiologischer Befund noch nicht einwandfrei feststand ein beträchtlicher Imageverlust für das betreffende Unternehmen, wenn im Fall von Kontaminationen Rückholaktionen von verdorbenen Produktchargen nötig werden.

Im Folgenden werden die getränkeschädlichen Mikroorganismen und deren Nachweis, wie er im Stand der Technik erfolgt, im Detail beschrieben.

20 <u>Hefen und Schimmelpilze</u>:

Zu denjenigen Mikroorganismen, die eine Hitzebehandlung überleben und anschließend Probleme in den Getränken verursachen können, zählen vor allem die Schimmelpilze Byssochlamys fulva und B. nivea, Neosartorya fischeri und Talaromyces flavus sowie einige Hefen. In carbonisierten Getränken sind die säuretoleranten, fermentativen Vertreter der Hefen (Saccharomyces spp., Dekkera spp. und Zygosaccharomyces bailii) vorherrschend. Neben der Beeinträchtigung der Produkte durch Geschmacksveränderungen und Trübung geht von diesen "gärfähigen Hefen" eine potenzielle Gefahr durch fallweise Explosion ("Bombagen") der Abfüllbehältnisse aus.

5

20

Der Nachweis von Hefen und Schimmelpilzen im AfG-Bereich erfolgt derzeit über die Kultivierung auf entsprechenden Nährmedien (z.B. SSL-Bouillon, OFS-Medium, Malzextrakt-Medium, Würze-Agar) und dauert zwischen 2 und 7 Tagen. Ein Nachweis auf Gattungs- oder gar Artebene ist sehr zeitaufwendig und wird in der Regel nicht durchgeführt.

Milchsäurebakterien:

Die Vertreter der Milchsäurebakterien sind gram-positive, nicht sporenbildende, Katalase-negative Stäbchen oder Kokken, die sich durch einen sehr hohen

Nährstoffanspruch (vor allem an Vitaminen, Aminosäuren, Purinen und Pyrimidinen) auszeichnen. Wie der Name schon andeutet, sind alle Milchsäurebakterien in der Lage, als Gärprodukt Milchsäure herzustellen.

Aufgrund ihres anaeroben Wachstums und der für anaerobe Mikroorganismen
atypische hohe Toleranz und Unempfindlichkeit gegenüber Sauerstoff werden sie als
aerotolerante Anaerobier bezeichnet.

Bis dato werden u.a. die Gattungen Lactobacillus, Lactococcus, Leuconostoc, Oenococcus, Carnobacterium, Bifidobacterium, Enterococcus, Pediococcus, Weissella und Streptococcus unter dem Begriff "Milchsäurebakterien" geführt.

Milchsäurebakterien haben in der Lebensmittelindustrie eine ambivalente Rolle.
Einerseits ist ihr Vorhandensein in manchen Prozessen, wie z.B. der Herstellung von Sauerkraut, erwünscht und somit nicht wegzudenken. Andererseits kann ihr
Vorkommen in Bier oder Fruchtsäften zu einem Verderb dieser Produkte führen. Das Wachstum dieser Bakterien äußert sich vornehmlich durch Trübung, Säuerung, Gasund Schleimbildung.

- 5 -

In der AfG-Industrie sind hauptsächlich die Bakteriengattungen Leuconostoc, Lactococcus, Lactobacillus, Oenococcus, Weissella und Pediococcus als Kontaminanten von Bedeutung.

Milchsäurebakterien werden durch 5- bis 7-tägige Inkubation bei 25 °C auf MRS-

5 Agar (pH 5,7) nachgewiesen.

Essigsäurebakterien:

Mit dem Trivialnamen "Essigsäurebakterien" werden Bakterien der Gattungen Acetobacter, Gluconobacter, Gluconobacter und Acidomonas bezeichnet.

Bakterien dieser Gattungen sind gram-negative, obligat aerobe, Oxidase-negative Stäbchen, deren optimale Vermehrungstemperatur um 30 °C liegt.

Essigsäurebakterien sind in der Lage, sich auch bei pH-Werten um 2,2 bis 3,0 zu vermehren und können daher in Getränken mit diesem pH-Wert Produktschäden hervorrufen.

15

Phylogenetisch werden Bakterien dieser Gattung als Mitglieder der Alphaproteobakterien eingestuft.

Die Produktschädigungen gehen zumeist mit Trübungen und

20 Geschmacksveränderungen durch die Bildung von Essigsäure und Gluconsäure einher.

Für den Nachweis von Essigsäurebakterien haben sich vor allem ACM-Agar (Inkubationszeit: 14 Tage) und DSM-Agar (Inkubationszeit: 3 bis 5 Tage) bewährt.

25

Bazillen:

Bazillen sind gram-positive aerobe, z.T. fakultativ anaerobe, zumeist Katalasepositive sporenbildende Stäbchen. In der AfG-Industrie wurde bis dato hauptsächlich Bacillus coagulans als Verderbniserreger identifiziert.

- 6 -

Der Nachweis erfolgt durch Ausstrich des Untersuchungsmaterials auf Dextrose-Caseinpepton-Agar oder Hefeextrakt-Pepton-Dextrose-Stärke-Agar und anschließender Inkubation bei 55 °C (Inkubationszeit: 3 Tage). Um eine Aktivierung bzw. eine Auskeimung der B. coagulans-Sporen zu erreichen, wird vor der eigentlichen Inkubation eine Erwärmung der Probe bei 80 °C für 10 min empfohlen.

Alicyclobazillen:

5

10

Alicyclobazillen sind gram-positive, aerobe, thermophile und Katalase-positive sporenbildende Stäbchen. Vertreter dieser Gattung bilden ω -alicyclische Fettsäuren als zelluläre Hauptfettsäuren.

In der AfG-Industrie wurde bis dato weltweit hauptsächlich Alicyclobacillus acidoterrestris als Verderbniserreger nachgewiesen. In seltenen Fällen wurden auch A. acidocaldarius und A. acidiphilus in verdorbenen Getränken identifiziert.

Der optimale Wachstumstemperaturbereich für *Alicyclobacillus spp.* liegt zwischen 26 und 55 °C. Der pH-Bereich, in dem sich Bakterien dieser Gattung vermehren können, liegt zwischen 2,2 und 5,8.

Das Wachstum von A. acidoterrestris führt in Fruchtsäften zu Verderb, der sich infolge der Bildung von Guajakol und Di-Bromphenol in Geruchs- und Geschmacksveränderungen äußert. Eine Kontamination mit diesem Organismus verläuft zumeist inapparent, was bedeutet, dass nur in seltenen Fällen eine Trübung in den infizierten Getränken auftritt.

Alicyclobazillen können über mehrtägige Kultivierung bei 44 bis 46 °C auf
Orangenserum-Agar, Kartoffel-Dextrose-Agar, K-Agar, YSG-Agar oder BAM-Agar
nachgewiesen werden. Zudem ist zur sicheren Bestätigung des Befundes eine Reihe
physiologischer Tests notwendig. Um eine Aktivierung bzw. eine Auskeimung der
Alicyclobacillus ssp.-Sporen zu erreichen, wird vor der eigentlichen Inkubation eine
Erwärmung der Probe bei 80 °C für 10 min empfohlen.

-7-

Die bisher in der Routineanalytik eingesetzten Nachweisverfahren für getränkeschädliche Mikroorganismen sind sehr langwierig und teilweise zu ungenau und verhindern somit schnelle und wirkungsvolle Gegenmaßnahmen zum Erhalt des kontaminierten Produktes. Die Ungenauigkeit resultiert beim Nachweis aus einer fehlenden Differenzierung bis auf Gattungs- und/oder Artebene.

5

10

Als logische Konsequenz aus den Schwierigkeiten, welche bei traditionellen Kultivierungsverfahren beim Nachweis von getränkeschädlichen Mikroorganismen auftreten, bieten sich daher Nachweisverfahren auf Nukleinsäurebasis zur schnellen, sicheren und spezifischen Identifizierung von Verderbniserregern in alkoholfreien Gertränken an.

Bei der PCR, der Polymerase-Kettenreaktion, wird mit spezifischen Primern ein charakteristisches Stück des jeweiligen Mikroorganismengenoms amplifiziert. Findet der Primer seine Zielstelle, so kommt es zu einer millionenfachen Vermehrung eines 15 Stücks der Erbsubstanz. Bei der anschließenden Analyse, z.B. mittels eines DNA-Fragmente auftrennenden Agarose-Gels, kann eine qualitative Bewertung stattfinden. Im einfachsten Fall führt dies zu der Aussage, dass die Zielstellen für die verwendeten Primer in der untersuchten Probe vorhanden waren. Weitere Aussagen sind nicht möglich; diese Zielstellen können sowohl von einem lebenden Bakterium, . 20 als auch von einem toten Bakterium oder von nackter DNA stammen. Da die PCR-Reaktion auch bei Anwesenheit eines toten Bakteriums oder nackter DNA positiv ausfällt, kommt es hier häufig zu falsch positiven Ergebnissen. Eine Weiterführung dieser Technik stellt die quantitative PCR dar, bei der versucht wird, eine Korrelation 25 zwischen der Menge an vorhandenen Mikroorganismen und der Menge an amplifizierter DNA herzustellen. Vorteile der PCR liegen in ihrer hohen Spezifität, leichten Anwendbarkeit und im geringen Zeitaufwand. Wesentliche Nachteile sind ihre hohe Anfälligkeit für Kontaminationen und damit falsch positive Ergebnisse sowie die bereits erwähnte fehlende Möglichkeit, zwischen lebenden und toten 30 Zellen bzw. nackter DNA zu unterscheiden.

Einen einzigartigen Ansatz, die Spezifität der molekularbiologischen Methoden wie der PCR mit der Möglichkeit der Mikroorganismenvisualisierung, wie sie die Antikörper-Methoden ermöglichen, zu verbinden, bietet die Methode der Fluoreszenz-In-Situ-Hybridisierung (FISH; Amann, R. I., W. Ludwig und K.-H. Schleifer, 1995. Phylogenetic identification and in situ detection of individual microbial cells without cultivation. Microbial. Rev. 59, S. 143-169). Hierbei können

Mikroorganismenarten, -gattungen oder -gruppen hochspezifisch identifiziert und

10

visualisiert werden.

5

WO 2005/031004

Die FISH-Technik basiert auf der Tatsache, dass es in Mikroorganismenzellen bestimmte Moleküle gibt, die aufgrund ihrer lebenswichtigen Funktion im Laufe der Evolution nur wenig mutiert sind: Die 16S, 18S, 23S und 26S ribosomale Ribonukleinsäure (rRNA). Sie sind Bestandteile der Ribosomen, den Orten der Proteinbiosynthese, und können aufgrund ihrer ubiquitären Verbreitung, ihrer Größe, und ihrer strukturellen und funktionellen Konstanz als spezifische Marker dienen (Woese, C. R., 1987. Bacterial evolution. Microbiol. Rev. 51, S. 221-271). Ausgehend von einer vergleichenden Sequenzanalyse können phylogenetische Beziehungen allein aufgrund dieser Daten aufgestellt werden. Dazu müssen diese Sequenzdaten in ein Alignment gebracht werden. Im Alignment, welches sich auf Kenntnisse über die Sekundärstruktur und Tertiärstruktur dieser Makromoleküle stützt, werden die homologen Positionen der ribosomalen Nukleinsäuren in Einklang miteinander gebracht.

Ausgehend von diesen Daten können phylogenetische Berechnungen durchgeführt werden. Der Einsatz modernster Computertechnologie macht es möglich, auch großangelegte Berechnungen schnell und effektiv auszuführen, sowie große Datenbanken, welche die Alignment-Sequenzen der 16S, 18S, 23S und 26S rRNA beinhalten, anzulegen. Durch den schnellen Zugriff auf dieses Datenmaterial können neu erhaltene Sequenzen in kurzer Zeit phylogenetisch analysiert werden. Diese

-9-

rRNA Datenbanken können dazu verwendet werden, art- und gattungsspezifische Gensonden zu konstruieren. Hierbei werden alle verfügbaren rRNA Sequenzen miteinander verglichen und für bestimmte Sequenzstellen Sonden entworfen, die spezifisch eine Mikroorganismenart, -gattung oder -gruppe erfassen.

5

10

30

Bei der FISH (Fluoreszenz-In-Situ-Hybridisierung)-Technik werden diese Gensonden, die zu einer bestimmten Region auf der ribosomalen Zielsequenz komplementär sind, in die Zelle eingeschleust. Die Gensonden sind i.d.R. kleine, 16 bis 20 Basen lange, einzelsträngige Desoxyribonukleinsäurestücke und richten sich gegen eine Zielregion, welche typisch für eine Mikroorganismenart oder eine Mikroorganismengruppe ist. Findet die fluoreszenzmarkierte Gensonde in einer Mikroorganismenzelle ihre Zielsequenz, so bindet sie daran und die Zellen können aufgrund ihrer Fluoreszenz mit Hilfe eines Fluoreszenzmikroskops detektiert werden.

Die FISH-Analyse wird grundsätzlich auf einem Objektträger durchgeführt, da die Mikroorganismen bei der Auswertung durch Bestrahlung mit einem hochenergetischen Licht visualisiert, also sichtbar gemacht werden. Hierin liegt allerdings einer der Nachteile der klassischen FISH-Analyse: da auf einem Objektträger naturgemäß nur relativ kleine Volumina analysiert werden können, ist die Sensitivität der Methode unbefriedigend und für eine verlässliche Analyse nicht ausreichend.

Mit der vorliegenden Erfindung werden daher die Vorteile der klassischen FISHAnalyse mit denen der Kultivierung verknüpft. Durch einen vergleichsweise kurzen
Kultivierungsschritt wird sichergestellt, dass die nachzuweisenden Mikroorganismen in ausreichender Zahl vorliegen, bevor der Nachweis der Mikroorganismen mittels spezifischer FISH durchgeführt wird.

Die Durchführung der in der vorliegenden Anmeldung beschriebenen Verfahren zum spezifischen Nachweis von getränkeschädlichen Hefen der Gattungen

20

Zygosaccharomyces, Hanseniaspora, Candida, Brettanomyces, Dekkera, Pichia, Saccharomyces und Saccharomycodes, insbesondere der Spezies Zygosaccharomyces bailii, Z. mellis, Z. rouxii, Z. bisporus, Z. fermentati, Z. microellipsoides, Hanseniaspora uvarum, Candida intermedia, C. crusei

- 5 (Issatchenkia orientalis), C. parapsilosis, Brettanomyces bruxellensis, B. naardenensis, Dekkera anomala, Pichia membranaefaciens, P. minuta, P. anomala, Saccharomyces exiguus, S. cerevisiae, Saccharomycodes ludwigii oder zum spezifischen Nachweis von getränkeschädlichen Schimmelpilzen der Gattungen Mucor, Byssochlamys, Neosartorya, Aspergillus und Talaromyces, insbesondere der
- Spezies Mucor racemosus, Byssochlamys nivea, Neosartorya fischeri, Aspergillus fumigatus und A. fischeri, Talaromyces flavus, T. bacillisporus und T. flavus oder zum spezifischen Nachweis von getränkeschädlichen Bakterien der Gattungen Lactobacillus, Leuconostoc, Oenococcus, Weissella, Lactococcus, Acetobacter, Gluconobacter, Gluconoacetobacter, Bacillus und Alicyclobacillus, insbesondere der
- Spezies Lactobacillus collinoides, Leuconostoc mesenteroides, L. pseudomesenteroides, Oenococcus oeni, Bacillus coagulans, Alicyclobacillus ssp., A. acidoterrestris, A. cycloheptanicus und A. herbarius umfasst somit die folgenden Schritte:
 - Kultivieren der in der untersuchten Probe enthaltenen getränkeschädlichen Mikroorganismen
 - Fixieren der in der Probe enthaltenen getränkeschädlichen Mikroorganismen
 - Inkubieren der fixierten Mikroorganismen mit mindestens einer Oligonukleotidsonde, ggf. zusammen mit einer Kompetitorsonde, um eine Hybridisierung herbeizuführen,
- 25 Entfernen bzw. Abwaschen der nicht hybridisierten Oligonukleotidsonden und
 - Detektieren der mit den Oligonukleotidsonden hybridisierten getränkeschädlichen Mikroorganismen.

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung wird unter "Kultivieren" die Vermehrung der in der Probe enthaltenen Mikroorganismen in einem geeigneten Kultivierungsmedium verstanden.

Zum Nachweis von Hefen und Schimmelpilzen kann die Kultivierung z.B. in SSL-Bouillon für 24 h bei 25 °C erfolgen. Zum Nachweis von Milchsäurebakterien kann die Kultivierung z.B. in MRS-Bouillon für 48 h bei 30 °C erfolgen. Zum Nachweis von Essigsäurebakterien kann die Kultivierung z.B. auf DSM-Agar für 48 h bei 28 °C erfolgen. Zum Nachweis von Bazillen, vornehmlich B. coagulans, kann die Kultivierung z.B. auf Dextrose-Caseinpepton-Agar für 48 h bei 55 °C erfolgen.

Zum Nachweis von Alicyclobazillen kann die Kultivierung z.B. in BAM-Bouillon für 48 h bei 44 °C erfolgen.

15

20

Der Fachmann kann die geeigneten Kultivierungsverfahren für jeden zu untersuchenden Mikroorganismus bzw. jede Mikroorganismengruppe dem Stand der Technik entnehmen.

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung wird unter "Fixieren" der Mikroorganismen eine Behandlung verstanden, mit der die Hülle der Mikroorganismen für Nukleinsäuresonden durchlässig gemacht wird. Zur Fixierung wird üblicherweise Ethanol verwendet. Kann die Zellwand trotz dieser Behandlung nicht von den Nukleinsäuresonden penetriert werden, so sind dem Fachmann ausreichend weitere Maßnahmen bekannt, die zu demselben Ergebnis führen. Dazu zählen beispielsweise der Einsatz von Methanol, Mischungen von Alkoholen, einer niederprozentigen Paraformaldehydlösung oder einer verdünnten Formaldehydlösung, enzymatische

25 Behandlungen oder ähnliches. Es kann sich in einer besonders bevorzugten Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens ein enzymatischer Schritt zum vollständigen Aufschluss der Mikroorganismen anschließen. Als Enzyme sind hier bspw. Lysozym, Proteinase K und Mutanolysin zu nennen. Dem Fachmann sind hier genügend geeignete Verfahren bekannt, und er wird auf einfache Weise feststellen

können, welches Mittel für den Zellaufschluss eines bestimmten Mikroorganismus besonders geeignet ist.

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung werden für die "Hybridisierung" die fixierten Mikroorganismen mit fluoreszenzmarkierten Oligonukleotidsonden inkubiert. Diese Oligonukleotidsonden können nach dem Fixieren die Zellhülle penetrieren und an die der Oligonukleotidsonde entsprechende Zielsequenz im Zellinneren binden. Die Bindung ist als Ausbildung von Wasserstoffbrücken zwischen komplementären Nukleinsäurestücken zu verstehen.

10

15

5

Die Oligonukleotidsonde kann dabei komplementär zu einer chromosomalen oder episomalen DNA sein, aber auch zu einer mRNA oder rRNA des nachzuweisenden Mikroorganismus. Von Vorteil ist es, eine Oligonukleotidsonde zu wählen, die zu einem Bereich komplementär ist, der in einer Kopienzahl von mehr als 1 im nachzuweisenden Mikroorganismus vorhanden ist. Die nachzuweisende Sequenz liegt bevorzugt 500 bis 100.000 mal pro Zelle vor, besonders bevorzugt 1.000 bis 50.000 mal. Aus diesem Grunde wird bevorzugt eine Sequenz aus der rRNA als Zielsequenz verwendet, da die Ribosomen in der Zelle als Orte der Proteinbiosynthese viele tausendmal in jeder aktiven Zelle vorliegen.

20

25

Bei der Nukleinsäuresonde im Sinne der Erfindung kann es sich um eine DNA- oder RNA-Sonde handeln, die in der Regel zwischen 12 und 100 Nukleotide umfassen wird, bevorzugt zwischen 15 und 50, besonders bevorzugt zwischen 17 und 25 Nukleotide. Die Auswahl der Nukleinsäuresonden geschieht unter dem Gesichtspunkt, ob eine komplementäre Sequenz in dem nachzuweisenden Mikroorganismus vorliegt. Durch diese Auswahl einer definierten Sequenz kann eine Mikroorganismenart, eine Mikroorganismengattung oder eine ganze Mikroorganismengruppe erfasst werden. Komplementarität sollte bei einer Sonde von 15 Nukleotiden über 100 % der Sequenz gegeben sein. Bei Oligonukleotiden mit

mehr als 15 Nukleotiden sind je nach Länge ein bis mehrere Fehlpaarungsstellen erlaubt.

Zur Erhöhung der Spezifität von Nukleinsäuresonden können Kompetitorsonden eingesetzt werden. Unter dem Begriff "Kompetitorsonden" werden im Rahmen der vorliegenden Erfindung insbesondere Oligonukleotide verstanden, die eventuell auftretende ungewollte Bindungen der Nukleinsäuresonden abdecken und dabei eine höhere Sequenzähnlichkeit zu nicht nachzuweisenden Mikroorganismengattungen bzw. -spezies aufweisen als zu den nachzuweisenden Mikroorganismengattungen bzw. -spezies. Durch den Einsatz von Kompetitorsonden kann verhindert werden, dass die Nukleinsäuresonde an die Nukleinsäuresequenz der nicht nachzuweisenden Mikroorganismengattungen bzw. -spezies bindet und zu falschen Signalen führt. Die unmarkierte Kompetitorsonde wird immer zusammen mit der entsprechenden markierten Oligonukleotidsonde eingesetzt.

15

5

10

Die Kompetitorsonde sollte komplementär sein zu einer Nukleinsäuresequenz mit hoher Sequenzähnlichkeit zur Nukleinsäuresequenz der nachzuweisenden Mikroorganismengattungen bzw. -spezies. Besonders bevorzugt ist die Kompetitorsonde komplementär zur rRNA von nicht nachzuweisenden

20 Mikroorganismengattungen bzw. -spezies.

Bei der Kompetitorsonde kann es sich im Sinne der Erfindung um eine DNA- oder RNA-Sequenz handeln, die in der Regel zwischen 12 und 100 Nukleotide umfassen wird, bevorzugt zwischen 15 und 50, besonders bevorzugt zwischen 17 und 25

Nukleotide. Durch die Auswahl einer definierten Sequenz kann die Hybridisierung der markierten Oligonukleotidsonde an die Nukleinsäuresequenz einer Bakterienart, einer Bakteriengattung oder einer ganzen Bakteriengruppe abgeblockt werden. Komplementarität zu der abzublockenden Nukleinsäuresequenz sollte bei einer Sonde von 15 Nukleotiden über 100 % der Sequenz gegeben sein. Bei

Oligonukleotiden mit mehr als 15 Nukleotiden sind je nach Länge ein bis mehrere Fehlpaarungsstellen erlaubt.

Im Rahmen der erfindungsgemäßen Verfahren haben die erfindungsgemäßen

Nukleinsäuresondenmoleküle die nachstehend angegebenen Längen und Sequenzen
(alle Nukleinsäuresondenmoleküle sind in 5'-3'-Richtung notiert).

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäuresondenmoleküle sind zum spezifischen Nachweis von getränkeschädlichen Hefen der Gattungen Zygosaccharomyces, Hanseniaspora, Candida, Brettanomyces, Dekkera, Pichia, Saccharomyces und 10 Saccharomycodes, insbesondere der Spezies Zygosaccharomyces bailii, Z. mellis, Z. rouxii, Z. bisporus, Z. fermentati, Z. microellipsoides, Hanseniaspora uvarum, Candida intermedia, C. crusei (Issatchenkia orientalis), C. parapsilosis, Brettanomyces bruxellensis, B. naardenensis, Dekkera anomala, Pichia membranaefaciens, P. minuta, P. anomala, Saccharomyces exiguus, S. cerevisiae, 15 Saccharomycodes ludwigii oder zum spezifischen Nachweis von getränkeschädlichen Schimmelpilzen der Gattungen Mucor, Byssochlamys, Neosartorya, Aspergillus und Talaromyces, insbesondere der Spezies Mucor racemosus, Byssochlamys nivea, Neosartorya fischeri, Aspergillus fumigatus und A. fischeri, Talaromyces flavus, T. bacillisporus und T. flavus oder zum spezifischen 20 Nachweis von getränkeschädlichen Bakterien der Gattungen Lactobacillus, Leuconostoc, Oenococcus, Weissella, Lactococcus, Acetobacter, Gluconobacter, Gluconoacetobacter, Bacillus und Alicyclobacillus, insbesondere der Spezies Lactobacillus collinoides, Leuconostoc mesenteroides, L. pseudomesenteroides, Oenococcus oeni, Bacillus coagulans, Alicyclobacillus ssp., A. acidoterrestris, A. 25

erfindungsgemäßen Nachweisverfahren eingesetzt.

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung können Sonden, die unterschiedliche Arten

cycloheptanicus und A. herbarius geeignet und werden dementsprechend in dem

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung können Sonden, die unterschiedliche Arten
 von Mikroorganismen nachweisen, zusammen eingesetzt werden, um dadurch den

gleichzeitigen Nachweis von unterschiedlichen Arten von Mikroorganismen zu ermöglichen. Dies führt ebenfalls zu einer Beschleunigung des Nachweisverfahrens.

a) Nukleinsäuresondenmoleküle, die spezifisch getränkeschädliche Hefen nachweisen:

SEQ ID No. 1:

5'- GTTTGACCAGATTCTCCGCTC

Die Sequenz SEQ ID No. 1 ist vor allem zum Nachweis von Mikroorganismen der Gattung Zygosaccharomyces geeignet.

SEQ ID No. 2:

5'- GTTTGACCAGATTTTCCGCTCT

SEQ ID No. 3:

5'- GTTTGACCAAATTTTCCGCTCT

SEQ ID No. 4:

5'- GTTTGTCCAAATTCTCCGCTCT

15

5

Die Nukleinsäuresondenmoleküle gemäß SEQ ID No. 2 bis SEQ ID No. 4 werden als unmarkierte Kompetitorsonden für den Nachweis von Mikroorganismen der Gattung *Zygosaccharomyces* gemeinsam mit der Oligonukleotidsonde gemäß SEQ ID No. 1 eingesetzt, um das Binden der markierten, für Mikroorganismen der Gattung *Zygosaccharomyces* spezifischen Oligonukleotidsonde an

Gattung Zygosaccharomyces spezifischen Oligonukleotidsonde an Nukleinsäuresequenzen, die nicht spezifisch für Mikroorganismen der Gattung Zygosaccharomyces sind, zu verhindern.

SEQ ID No. 5:

.

5'- CCCGGTCGAATTAAAACC

25 SEQ ID No. 6:

5'- GCCCGGTCGAATTAAAAC

SEQ ID No. 7:

5'- GGCCCGGTCGAATTAAAA

SEQ ID No. 8:

5'- AGGCCCGGTCGAATTAAA

SEQ ID No. 9:

5'- AAGGCCCGGTCGAATTAA

SEQ ID No. 10:

5'- ATATTCGAGCGAAACGCC

30 SEQ ID No. 11:

5'- AAAGATCCGGACCGGCCG

| | SEQ ID No. 12 | 5'- GGAAAGATCCGGACCGGC |
|----|---------------|------------------------|
| | SEQ ID No. 13 | 5'- GAAAGATCCGGACCGGCC |
| | SEQ ID No. 14 | 5'- GATCCGGACCGGCCGACC |
| | SEQ ID No. 15 | 5'- AGATCCGGACCGGCCGAC |
| 5 | SEQ ID No. 16 | 5'- AAGATCCGGACCGGCCGA |
| | SEQ ID No. 17 | 5'- GAAAGGCCCGGTCGAATT |
| | SEQ ID No. 18 | 5'- AAAGGCCCGGTCGAATTA |
| | SEQ ID No. 19 | 5'- GGAAAGGCCCGGTCGAAT |
| | SEQ ID No. 20 | 5'- AGGAAAGGCCCGGTCGAA |
| 10 | SEQ ID No. 21 | 5'- AAGGAAAGGCCCGGTCGA |
| | | |

Die Sequenzen SEQ ID No. 5 bis SEQ ID No. 21 sind vor allem zum Nachweis von Zygosaccharomyces bailii geeignet.

15 SEQ ID No. 22: 5'- ATAGCACTGGGATCCTCGCC

Die Sequenz SEQ ID No. 22 ist vor allem zum Nachweis von Zygosaccharomyces fermentati geeignet.

20 SEQ ID No. 23: 5'- CCAGCCCCAAAGTTACCTTC SEQ ID No. 24: 5'- TCCTTGACGTAAAGTCGCAG

Die Sequenzen SEQ ID No. 23 und SEQ ID No. 24 sind vor allem zum Nachweis von Zygosaccharomyces microellipsoides geeignet.

SEQ ID No. 25: 5'- GGAAGAAAACCAGTACGC
SEQ ID No. 26: 5'- CCGGTCGGAAGAAAACCA
SEQ ID No. 27: 5'- GAAGAAAACCAGTACGCG
SEQ ID No. 28: 5'- CCCGGTCGGAAGAAAACC
30 SEQ ID No. 29: 5'- CGGTCGGAAGAAAACCAG

| | SEQ ID No. 30: | 5'- GGTCGGAAGAAAACCAGT |
|----|----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 31: | 5'- AAGAAAACCAGTACGCGG |
| | SEQ ID No. 32: | 5'- GTACGCGGAAAAATCCGG |
| | SEQ ID No. 33: | 5'- AGTACGCGGAAAAATCCG |
| 5 | SEQ ID No. 34: | 5'- GCGGAAAAATCCGGACCG |
| | SEQ ID No. 35: | 5'- CGGAAGAAAACCAGTACG |
| | SEQ ID No. 36: | 5'- GCCCGGTCGGAAGAAAC |
| | SEQ ID No. 37: | 5'- CGCGGAAAAATCCGGACC |
| | SEQ ID No. 38: | 5'- CAGTACGCGGAAAAATCC |
| 10 | SEQ ID No. 39: | 5'- AGAAAACCAGTACGCGGA |
| | SEQ ID No. 40: | 5'- GGCCCGGTCGGAAGAAA |
| | SEQ ID No. 41: | 5'- ATAAACACCACCGATCC |
| | SEQ ID No. 42: | 5'- ACGCGGAAAAATCCGGAC |
| | SEQ ID No. 43: | 5'- GAGAGGCCCGGTCGGAAG |
| 15 | SEQ ID No. 44: | 5'- AGAGGCCCGGTCGGAAGA |
| | SEQ ID No. 45: | 5'- GAGGCCCGGTCGGAAGAA |
| | SEQ ID No. 46: | 5'- AGGCCCGGTCGGAAGAAA |
| | SEQ ID No. 47: | 5'- CCGAGTGGGTCAGTAAAT |
| | SEQ ID No. 48: | 5'- CCAGTACGCGGAAAAATC |
| 20 | SEQ ID No. 49: | 5'- TAAACACCACCCGATCCC |
| | SEQ ID No. 50: | 5'- GGAGAGGCCCGGTCGGAA |
| | SEQ ID No. 51: | 5'-GAAAACCAGTACGCGGAA |
| | SEQ·ID·No.·52: | - 5'- TACGCGGAAAAATCCGGA |
| | SEQ ID No. 53: | 5'- GGCCACAGGGACCCAGGG |
| 25 | SEQ ID No. 54: | 5'- TCACCAAGGGCCACAGGG |
| | SEQ ID No. 55: | 5'- GGGCCACAGGGACCCAGG |
| | SEQ ID No. 56: | |
| | SEQ ID No. 57: | 5'- ACAGGGACCCAGGGCTAG |
| | SEQ ID No. 58: | |
| 30 | SEQ ID No. 59: | 5'- GTTCACCAAGGGCCACAG |
| | | |

20

| | SEQ ID No. 60: | 5'- GCCACAGGGACCCAGGGC |
|----|----------------|------------------------|
| | SEQ ID No. 61: | 5'- CAGGGACCCAGGGCTAGC |
| | SEQ ID No. 62: | 5'- AGGGACCCAGGGCTAGCC |
| | SEQ ID No. 63: | 5'- ACCAAGGGCCACAGGGAC |
| 5 | SEQ ID No. 64: | 5'- CCACAGGGACCCAGGGCT |
| | SEQ ID No. 65: | 5'- CACAGGGACCCAGGGCTA |
| | SEQ ID No. 66: | 5'- CACCAAGGGCCACAGGGA |
| | SEQ ID No. 67: | 5'- GGGACCCAGGGCTAGCCA |
| | SEQ ID No. 68: | 5'- AGGAGAGGCCCGGTCGGA |
| 10 | SEQ ID No. 69: | 5'- AAGGAGAGGCCCGGTCGG |
| | SEQ ID No. 70: | 5'- GAAGGAGAGGCCCGGTCG |
| | SEQ ID No. 71: | 5'- AGGGCTAGCCAGAAGGAG |
| | SEQ ID No. 72: | 5'- GGGCTAGCCAGAAGGAGA |
| | SEQ ID No. 73: | 5'- AGAAGGAGAGGCCCGGTC |
| 15 | SEQ ID No. 74: | 5'- CAAGGGCCACAGGGACCC |
| | SEQ ID No. 75: | 5'- CCAAGGGCCACAGGGACC |
| | | |

Die Sequenzen SEQ ID No. 25 bis SEQ ID No. 75 sind vor allem zum Nachweis von Zygosaccharomyces mellis geeignet.

SEQ ID No. 76: 5'- GTCGGAAAAACCAGTACG SEQ ID No. 77: -5'- GCCCGGTCGGAAAACCA SEQ ID No.-78:--- 5'--CCGGTCGGAAAAACCAGT SEQ ID No. 79: 5'- CCCGGTCGGAAAAACCAG 25 SEQ ID No. 80: 5'- TCGGAAAAACCAGTACGC SEQ ID No. 81: 5'- CGGAAAAACCAGTACGCG SEQ ID No. 82: 5'- GGAAAAACCAGTACGCGG SEQ ID No. 83: 5'- GTACGCGGAAAAATCCGG SEQ ID No. 84: 5'- AGTACGCGGAAAAATCCG 30 SEQ ID No. 85: 5'- GCGGAAAAATCCGGACCG

| | SEQ ID No. 86: | 5'- GGTCGGAAAAACCAGTAC |
|----|------------------|------------------------|
| | SEQ ID No. 87: | 5'- ACTCCTAGTGGTGCCCTT |
| | SEQ ID No. 88: | 5'- GCTCCACTCCTAGTGGTG |
| | SEQ ID No. 89: | 5'- CACTCCTAGTGGTGCCCT |
| 5 | SEQ ID No. 90: | 5'- CTCCACTCCTAGTGGTGC |
| | SEQ ID No. 91: | 5'- TCCACTCCTAGTGGTGCC |
| | SEQ ID No. 92: | 5'- CCACTCCTAGTGGTGCCC |
| | SEQ ID No. 93: | 5'- GGCTCCACTCCTAGTGGT |
| | SEQ ID No. 94: | 5'- AGGCTCCACTCCTAGTGG |
| 10 | SEQ ID No. 95: " | 5'- GGCCCGGTCGGAAAAACC |
| | SEQ ID No. 96: | 5'- GAAAAACCAGTACGCGGA |
| | SEQ ID No. 97: | 5'- CGCGGAAAAATCCGGACC |
| | SEQ ID No. 98: | 5'- CAGTACGCGGAAAAATCC |
| | SEQ ID No. 99: | 5'- CGGTCGGAAAAACCAGTA |
| 15 | SEQ ID No. 100: | 5'- AAGGCCCGGTCGGAAAAA |
| | SEQ ID No. 101: | 5'- CAGGCTCCACTCCTAGTG |
| | SEQ ID No. 102: | 5'- CTCCTAGTGGTGCCCTTC |
| | SEQ ID No. 103: | 5'- TCCTAGTGGTGCCCTTCC |
| | SEQ ID No. 104: | 5'- GCAGGCTCCACTCCTAGT |
| 20 | SEQ ID No. 105: | 5'- AGGCCCGGTCGGAAAAC |
| | SEQ ID No. 106: | 5'- ACGCGGAAAAATCCGGAC |
| | SEQ ID No. 107: | 5'- CCAGTACGCGGAAAAATC |
| | SEQ ID No. 108: | 5'- CTAGTGGTGCCCTTCCGT |
| | SEQ ID No. 109: | 5'- GAAAGGCCCGGTCGGAAA |
| 25 | SEQ ID No. 110: | 5'- AAAGGCCCGGTCGGAAAA |
| | SEQ ID No. 111: | 5'- TACGCGGAAAAATCCGGA |
| | SEQ ID No. 112: | 5'- GGAAAGGCCCGGTCGGAA |
| | SEQ ID No. 113: | 5'- ATCTCTTCCGAAAGGTCG |
| | SEQ ID No. 114: | 5'- CATCTCTTCCGAAAGGTC |
| 30 | SEQ ID No. 115: | 5'- CTCTTCCGAAAGGTCGAG |
| | | |

| | SEQ ID No. 116: | 5'- CTTCCGAAAGGTCGAGAT |
|----|-----------------|------------------------|
| | SEQ ID No. 117: | 5'- TCTCTTCCGAAAGGTCGA |
| | SEQ ID No. 118: | 5'- TCTTCCGAAAGGTCGAGA |
| | SEQ ID No. 119: | 5'- CCTAGTGGTGCCCTTCCG |
| 5 | SEQ ID No. 120: | 5'- TAGTGGTGCCCTTCCGTC |
| | SEQ ID No. 121: | 5'- AGTGGTGCCCTTCCGTCA |
| | SEQ ID No. 122: | 5'- GCCAAGGTTAGACTCGTT |
| | SEQ ID No. 123: | 5'- GGCCAAGGTTAGACTCGT |
| | SEQ ID No. 124: | 5'- CCAAGGTTAGACTCGTTG |
| 10 | SEQ ID No. 125: | 5'- CAAGGTTAGACTCGTTGG |
| | SEQ ID No. 126: | 5'- AAGGTTAGACTCGTTGGC |
| | | |

Die Sequenzen SEQ ID No. 76 bis SEQ ID No. 126 sind vor allem zum Nachweis von Zygosaccharomyces rouxii geeignet.

15

SEQ ID No. 127: 5'- CTCGCCTCACGGGGTTCTCA

Die Sequenz SEQ ID No. 127 ist vor allem zum gleichzeitigen Nachweis von Zygosaccharomyces mellis und Zygosaccharomyces rouxii geeignet.

20

SEQ ID No. 128: 5'- GGCCCGGTCGAAATTAAA SEQ ID No. 129: - --5'- AGGCCCGGTCGAAATTAA SEQ ID:No. 130:----5"-- AAGGCCCGGTCGAAATTA SEQ ID No. 131: 5'- AAAGGCCCGGTCGAAATT 25 SEQ ID No. 132: 5'- GAAAGGCCCGGTCGAAAT SEQ ID No. 133: 5'- ATATTCGAGCGAAACGCC SEQ ID No. 134: 5'- GGAAAGGCCCGGTCGAAA SEQ ID No. 135: 5'- AAAGATCCGGACCGGCCG SEQ ID No. 136: 5'- GGAAAGATCCGGACCGGC 30 SEQ ID No. 137: 5'- GAAAGATCCGGACCGGCC

- 21 -

SEQ ID No. 138: 5'- GATCCGGACCGGCCGACC
SEQ ID No. 139: 5'- AGATCCGGACCGGCCGAC
SEQ ID No. 140: 5'- AAGATCCGGACCGGCCGA
SEQ ID No. 141: 5'- AGGAAAGGCCCGGTCGAA
SEQ ID No. 142: 5'- AAGGAAAGGCCCGGTCGA

Die Sequenzen SEQ ID No. 128 bis SEQ ID No. 142 sind vor allem zum Nachweis von Zygosaccharomyces bisporus geeignet.

10 SEQ ID No. 143: 5'-CGAGCAAAACGCCTGCTTTG SEQ ID No. 144: 5'-CGCTCTGAAAGAGAGTTGCC

Die Sequenzen SEQ ID No. 143 und SEQ ID No. 144 sind vor allem zum Nachweis von *Hanseniaspora uvarum* geeignet.

SEQ ID No. 145: 5'-AGTTGCCCCCTACACTAGAC
SEQ ID No. 146: 5'-GCTTCTCCGTCCCGCGCCG

Die Sequenzen SEQ ID No. 145 und SEQ ID No. 146 sind vor allem zum Nachweis von Candida intermedia geeignet.

SEQ ID No. 147: 5'- AGATTYTCCGCTCTGAGATGG

Das Nukleinsäuresondenmoleküle gemäß SEQ ID No. 147 wird als unmarkierte Kompetitorsonde für den Nachweis von Candida intermedia gemeinsam mit der Oligonukleotidsonde gemäß SEQ ID No. 146 eingesetzt, um das Binden der markierten, für Candida intermedia spezifischen Oligonukleotidsonde an Nukleinsäuresequenzen, die nicht spezifisch für Candida intermedia sind, zu verhindern.

5

15

SEQ ID No. 148: 5'- CCTGGTTCGCCAAAAAGGC

Die Sequenz SEQ ID No. 148 ist vor allem zum Nachweis von Candida parapsilosis geeignet.

5

SEQ ID No. 149: 5'-GATTCTCGGCCCCATGGG

Die Sequenz SEQ ID No. 149 ist vor allem zum Nachweis von Candida crusei (Issatchenkia orientalis) geeignet.

10

SEQ ID No. 150: 5'- ACCCTCTACGGCAGCCTGTT

Die Sequenz SEQ ID No. 150 ist vor allem zum gleichzeitigen Nachweis von Dekkera anomala und Brettanomyces (Dekkera) bruxellensis geeignet.

15

SEQ ID No. 151: 5'- GATCGGTCTCCAGCGATTCA

Die Sequenz SEQ ID No. 151 ist vor allem zum Nachweis von Brettanomyces (Dekkera) bruxellensis geeignet.

20

SEQ ID No. 152: 5'- ACCCTCCACGGCGGCCTGTT

Die Sequenz SEQ-ID No.-1-52 ist vor allem zum Nachweis von Brettanomyces (Dekkera) naardenensis geeignet.

25

SEQ ID No. 153: 5'- GATTCTCCGCGCCATGGG

Die Sequenz SEQ ID No. 153 ist vor allem zum Nachweis von *Pichia membranaefaciens* geeignet.

- 23 -

SEQ ID No. 154: 5'- TCATCAGACGGGATTCTCAC

Die Sequenz SEQ ID No. 154 ist vor allem zum gleichzeitigen Nachweis von *Pichia minuta* und *Pichia anomala* geeignet.

5

SEQ ID No. 155:

5'- CTCATCGCACGGGATTCTCACC

SEQ ID No. 156:

5'- CTCGCCACACGGGATTCTCACC

Die Nukleinsäuresondenmoleküle gemäß SEQ ID No. 155 und SEQ ID No. 156

werden als unmarkierte Kompetitorsonden für den gemeinsamen Nachweis von
Pichia minuta und Pichia anomala gemeinsam mit der Oligonukleotidsonde gemäß
SEQ ID No. 154 eingesetzt, um das Binden der markierten, für Pichia minuta und
Pichia anomala spezifischen Oligonukleotidsonde an Nukleinsäuresequenzen, die
nicht spezifisch für Pichia minuta und Pichia anomala sind, zu verhindern.

15

SEQ ID No. 157: 5'-AGTTGCCCCCTCTAAGC

Die Sequenz SEQ ID No. 157 ist vor allem zum Nachweis von Saccharomyces exiguus geeignet.

20

SEQ ID No. 158:

5'-CTGCCACAAGGACAAATGGT

SEQ ID No. 159:

5'-TGCCCCCTCTTCTA'AGCAAAT

Die Sequenzen SEQ ID No. 158 und SEQ ID No. 159 sind vor allem zum Nachweis von Saccharomycodes ludwigii geeignet.

SEQ ID No. 160:

5'-CCCCAAAGTTGCCCTCTC

Die Sequenz SEQ ID No. 160 ist vor allem zum Nachweis von Saccharomyces cerevisiae geeignet.

SEQ ID No. 161:

5'-GCCGCCCAAAGTCGCCCTCTAC

SEQ ID No. 162:

5'-GCCCCAGAGTCGCCTTCTAC

- Die Nukleinsäuresondenmoleküle gemäß SEQ ID No. 161 und SEQ ID No. 162 werden als unmarkierte Kompetitorsonden für den Nachweis von Saccharomyces cerevisiae gemeinsam mit der Oligonukleotidsonde gemäß SEQ ID No. 160 eingesetzt, um das Binden der markierten, für Saccharomyces cerevisiae spezifischen Oligonukleotidsonde an Nukleinsäuresequenzen, die nicht spezifisch für
- 10 Saccharomyces cerevisiae sind, zu verhindern.
 - b) Nukleinsäuresondenmoleküle, die spezifisch getränkeschädliche Schimmelpilze nachweisen:
- 15 SEQ ID No. 163: 5'-AAGACCAGGCCACCTCAT

Die Sequenz SEQ ID No. 163 ist vor allem zum Nachweis von *Mucor racemosus* geeignet.

20 SEQ ID No. 164: 5'- CATCATAGAACACCGTCC

Die Sequenz SEQ ID No. 164 ist vor allem zum Nachweis von Byssochlamys nivea geeignet.

25 SEQ ID No. 165: 5'- CCTTCCGAAGTCGAGGTTTT

Die Sequenz SEQ ID No. 165 ist vor allem zum spezifischen Nachweis von *Neosartorya fischeri* geeignet.

30 SEQ ID No. 166: 5'- GGGAGTGTTGCCAACTC

Die Sequenz SEQ ID No. 166 ist vor allem zum gleichzeitigen Nachweis von Aspergillus fumigatus und A. fischeri geeignet.

5 SEQ ID No. 167: 5'- AGCGGTGGTTCGCAACCCT

Die Sequenz SEQ ID No. 167 ist vor allem zum Nachweis von *Talaromyces flavus* geeignet.

10 SEQ ID No. 168: 5'- CCGAAGTCGGGGTTTTGCGG

Die Sequenz SEQ ID No. 168 ist vor allem zum gleichzeitigen Nachweis von *Talaromyces bacillisporus* und *T. flavus* geeignet.

15 c) Nukleinsäuresondenmoleküle, die spezifisch getränkeschädliche Milchsäurebakterien nachweisen:

SEQ ID No. 169: 5'- GATAGCCGAAACCACCTTTC SEQ ID No. 170: 5'- GCCGAAACCACCTTTCAAAC 20 SEQ ID No. 171: 5'- GTGATAGCCGAAACCACCTT SEQ ID No. 172: 5'- AGTGATAGCCGAAACCACCT SEQ ID No. 173: 5'- TTTAACGGGATGCGTTCGAC SEQ ID No. 174: 5'- AAGTGATAGCCGATACCACC SEQ ID No. 175: 5'- GGTTGAATACCGTCAACGTC 25 SEQ ID No. 176: 5'- GCACAGTATGTCAAGACCTG SEQ ID No. 177: 5'- CATCCGATGTGCAAGCACTT SEQ ID No. 178: 5'- TCATCCGATGTGCAAGCACT SEQ ID No. 179: 5'- CCGATGTGCAAGCACTTCAT SEQ ID No. 180: 5'- CCACTCATCCGATGTGCAAG 30 SEQ ID No. 181: 5'- GCCACAGTTCGCCACTCATC

- 26 -

| | SEQ ID No. 182: | 5'- CCTCCGCGTTTGTCACCGGC |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 183: | 5'- ACCAGTTCGCCACAGTTCGC |
| | SEQ ID No. 184: | 5'- CACTCATCCGATGTGCAAGO |
| | SEQ ID No. 185: | 5'- CCAGTTCGCCACAGTTCGCC |
| 5 | SEQ ID No. 186: | 5'- CTCATGGGATGTGCAAGCAC |
| | SEQ ID No. 187: | 5'- TCCGATGTGCAAGCACTTCA |
| | SEQ ID No. 188: | 5'- CGCCACTCATCCGATGTGCA |
| | SEQ ID No. 189: | 5'- CAGTTCGCCACAGTTCGCCA |
| | SEQ ID No. 190: | 5'- GCCACTCATCCGATGTGCAA |
| 10 | SEQ ID No. 191: | 5'- CGCCACAGTTCGCCACTCAT |
| | SEQ ID No. 192: | 5'- ATCCGATGTGCAAGCACTTC |
| | SEQ ID No. 193: | 5'- GTTCGCCACAGTTCGCCACT |
| | SEQ ID No. 194: | 5'- TCCTCCGCGTTTGTCACCGG |
| | SEQ ID No. 195: | 5'- CGCCAGGGTTCATCCTGAGC |
| 15 | SEQ ID No. 196: | 5'- AGTTCGCCACAGTTCGCCAC |
| | SEQ ID No. 197: | 5'- TCGCCACAGTTCGCCACTCA |
| | SEQ ID No. 198: | 5'- TTAACGGGATGCGTTCGACT |
| | SEQ ID No. 199: | 5'- TCGCCACTCATCCGATGTGC |
| | SEQ ID No. 200: | 5'- CCACAGTTCGCCACTCATCC |
| 20 | SEQ ID No. 201: | 5'- GATTTAACGGGATGCGTTCG |
| | SEQ ID No. 202: | 5'- TAACGGGATGCGTTCGACTT |
| | SEQ ID No. 203: | 5'- AACGGGATGCGTTCGACTTG |
| | SEQ ID No. 204: | 5'- CGAAGGTTACCGAACCGACT |
| | SEQ ID No. 205: | 5'- CCGAAGGTTACCGAACCGAC |
| 25 | SEQ ID No. 206: | 5'- CCCGAAGGTTACCGAACCGA |
| | SEQ ID No. 207: | 5'- TTCCTCCGCGTTTGTCACCG |
| | SEQ ID No. 208: | 5'- CCGCCAGGGTTCATCCTGAG |
| | SEQ ID No. 209: | 5'- TCCTTCCAGAAGTGATAGCC |
| | SEQ ID No. 210: | 5'- CACCAGTTCGCCACAGTTCG |
| 30 | SEQ ID No. 211: | 5'- ACGGGATGCGTTCGACTTGC |
| | | |

| | SEQ ID No. 212: | 5'- GTCCTTCCAGAAGTGATAGC |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 213: | 5'- GCCAGGGTTCATCCTGAGCC |
| | SEQ ID No. 214: | 5'- ACTCATCCGATGTGCAAGCA |
| | SEQ ID No. 215: | 5'- ATCATTGCCTTGGTGAACCG |
| 5 | SEQ ID No. 216: | 5'- TCCGCGTTTGTCACCGGCAG |
| | SEQ ID No. 217: | 5'- TGAACCGTTACTCCACCAAC |
| | SEQ ID No. 218: | 5'- GAAGTGATAGCCGAAACCAC |
| | SEQ ID No. 219: | 5'- CCGCGTTTGTCACCGGCAGT |
| | SEQ ID No. 220: | 5'- TTCGCCACTCATCCGATGTG |
| 10 | SEQ ID No. 221: | 5'- CATTTAACGGGATGCGTTCG |
| | SEQ ID No. 222: | 5'- CACAGTTCGCCACTCATCCG |
| | SEQ ID No. 223: | 5'- TTCGCCACAGTTCGCCACTC |
| | SEQ ID No. 224: | 5'- CTCCGCGTTTGTCACCGGCA |
| | SEQ ID No. 225: | 5'- ACGCCGCCAGGGTTCATCCT |
| 15 | SEQ ID No. 226: | 5'- CCTTCCAGAAGTGATAGCCG |
| | SEQ ID No. 227: | 5'- TCATTGCCTTGGTGAACCGT |
| | SEQ ID No. 228: | 5'- CACAGTATGTCAAGACCTGG |
| | SEQ ID No. 229: | 5'- TTGGTGAACCGTTACTCCAC |
| | SEQ ID No. 230: | 5'- CTTGGTGAACCGTTACTCCA |
| 20 | SEQ ID No. 231: | 5'- GTGAACCGTTACTCCACCAA |
| | SEQ ID No. 232: | 5'- GGCTCCCGAAGGTTACCGAA |
| | SEQ ID No. 233: | 5'- GAAGGTTACCGAACCGACTT |
| | SEQ ID No. 234: | 5'- TGGCTCCCGAAGGTTACCGA |
| | SEQ ID No. 235: | 5'- TAATACGCCGCGGGTCCTTC |
| 25 | SEQ ID No. 236: | 5'- GAACCGTTACTCCACCAACT |
| | SEQ ID No. 237: | 5'- TACGCCGCGGGTCCTTCCAG |
| | SEQ ID No. 238: | 5'- TCACCAGTTCGCCACAGTTC |
| | SEQ ID No. 239: | 5'- CCTTGGTGAACCGTTACTCC |
| | SEQ ID No. 240: | 5'- CTCACCAGTTCGCCACAGTT |
| 30 | SEQ ID No. 241: | 5'- CGCCGCCAGGGTTCATCCTG |

- 28 -

| | SEQ ID No. 242: | 5'- CCTTGGTGAACCATTACTCC |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 243: | 5'- TGGTGAACCATTACTCCACC |
| | SEQ ID No. 244: | 5'- GCCGCCAGGGTTCATCCTGA |
| | SEQ ID No. 245: | 5'- GGTGAACCATTACTCCACCA |
| 5 | SEQ ID No. 246: | 5'- CCAGGGTTCATCCTGAGCCA |
| | SEQ ID No. 247: | 5'- AATACGCCGCGGGTCCTTCC |
| | SEQ ID No. 248: | 5'- CACGCCGCCAGGGTTCATCC |
| | SEQ ID No. 249: | 5'- AGTTCGCCACTCATCCGATG |
| | SEQ ID No. 250: | 5'- CGGGATGCGTTCGACTTGCA |
| 10 | SEQ ID No. 251: | 5'- CATTGCCTTGGTGAACCGTT |
| | SEQ ID No. 252: | 5'- GCACGCCGCCAGGGTTCATC |
| | SEQ ID No. 253: | 5'- CTTCCTCCGCGTTTGTCACC |
| | SEQ ID No. 254: | 5'- TGGTGAACCGTTACTCCACC |
| | SEQ ID No. 255: | 5'- CCTTCCTCCGCGTTTGTCAC |
| 15 | SEQ ID No. 256: | 5'- ACGCCGCGGGTCCTTCCAGA |
| | SEQ ID No. 257: | 5'- GGTGAACCGTTACTCCACCA |
| | SEQ ID No. 258: | 5'- GGGTCCTTCCAGAAGTGATA |
| | SEQ ID No. 259: | 5'- CTTCCAGAAGTGATAGCCGA |
| | SEQ ID No. 260: | 5'- GCCTTGGTGAACCATTACTC |
| 20 | SEQ ID No. 261: | 5'- ACAGTTCGCCACTCATCCGA |
| | SEQ ID No. 262: | 5'- ACCTTCCTCCGCGTTTGTCA |
| | SEQ ID No. 263: | 5'- CGAACCGACTTTGGGTGTTG |
| | SEQ ID No. 264: | 5'- GAACCGACTTTGGGTGTTGC |
| | SEQ ID No. 265: | 5'- AGGTTACCGAACCGACTTTG |
| 25 | SEQ ID No. 266: | 5'- ACCGAACCGACTTTGGGTGT |
| | SEQ ID No. 267: | 5'- TTACCGAACCGACTTTGGGT |
| | SEQ ID No. 268: | 5'- TACCGAACCGACTTTGGGTG |
| | SEQ ID No. 269: | 5'- GTTACCGAACCGACTTTGGG |
| | | |

- 29 -

Die Sequenzen SEQ ID No. 169 bis SEQ ID No. 269 sind vor allem zum Nachweis von Lactobacillus collinoides geeignet.

SEQ ID No. 270: 5'- CCTTTCTGGTATGGTACCGTC SEQ ID No. 271: 5'- TGCACCGCGGAYCCATCTCT

5

Die Sequenzen SEQ ID No. 270 und SEQ ID No. 271 sind vor allem zum Nachweis von Mikroorganismen der Gattung Leuconostoc geeignet.

| 10 | SEQ ID No. 272: | 5'- AGTTGCAGTCCAGTAAGCCG |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 273: | 5'- GTTGCAGTCCAGTAAGCCGC |
| | SEQ ID No. 274: | 5'- CAGTTGCAGTCCAGTAAGCC |
| | SEQ ID No. 275: | 5'- TGCAGTCCAGTAAGCCGCCT |
| | SEQ ID No. 276: | 5'- TCAGTTGCAGTCCAGTAAGC |
| 15 | SEQ ID No. 277: | 5'- TTGCAGTCCAGTAAGCCGCC |
| | SEQ ID No. 278: | 5'- GCAGTCCAGTAAGCCGCCTT |
| | SEQ ID No. 279: | 5'- GTCAGTTGCAGTCCAGTAAG |
| | SEQ ID No. 280: | 5'- CTCTAGGTGACGCCGAAGCG |
| • | SEQ ID No. 281: | 5'- ATCTCTAGGTGACGCCGAAG |
| 20 | SEQ ID No. 282: | 5'- TCTAGGTGACGCCGAAGCGC |
| | SEQ ID No. 283: | 5'- TCTCTAGGTGACGCCGAAGC |
| | SEQ ID No. 284: | 5'- CCATCTCTAGGTGACGCCGA |
| | SEQ ID No. 285: | 5'- CATCTCTAGGTGACGCCGAA |
| | SEQ ID No. 286: | 5'- TAGGTGACGCCGAAGCGCCT |
| 25 | SEQ ID No. 287: | 5'- CTAGGTGACGCCGAAGCGCC |
| | SEQ ID No. 288: | 5'- CTTAGACGGCTCCTTCCTAA |
| | SEQ ID No. 289: | 5'- CCTTAGACGGCTCCTTCCTA |
| | SEQ ID No. 290: | 5'- ACGTCAGTTGCAGTCCAGTA |
| | SEQ ID No. 291: | 5'- CGTCAGTTGCAGTCCAGTAA |
| 30 | SEQ ID No. 292: | 5'- ACGCCGAAGCGCCTTTTAAC |
| | | |

- 30 -

SEQ ID No. 293: 5'- GACGCCGAAGCGCCTTTTAA SEQ ID No. 294: 5'- GCCGAAGCGCCTTTTAACTT SEQ ID No. 295: 5'- CGCCGAAGCGCCTTTTAACT SEQ ID No. 296: 5'- GTGACGCCGAAGCGCCTTTT SEQ ID No. 297: 5'- TGACGCCGAAGCGCCTTTTA SEQ ID No. 298: 5'- AGACGGCTCCTTCCTAAAAG SEQ ID No. 299: 5'- ACGGCTCCTTCCTAAAAGGT SEQ ID No. 300: 5'- GACGGCTCCTTCCTAAAAGG SEQ ID No. 301: 5'- CCTTCCTAAAAGGTTAGGCC

10

Die Sequenzen SEQ ID No. 272 bis SEQ ID No. 301 sind vor allem zum gleichzeitigen Nachweis von Leuconostoc mesenteroides und L. pseudomesenteroides geeignet.

15 SEQ ID No. 302: 5'- GGTGACGCCAAAGCGCCTTT SEQ ID No. 303: 5'- AGGTGACGCCAAAGCGCCTT SEQ ID No. 304: 5'- TAGGTGACGCCAAAGCGCCT SEQ ID No. 305: 5'- CTCTAGGTGACGCCAAAGCG SEQ ID No. 306: 5'- TCTAGGTGACGCCAAAGCGC 20 SEQ ID No. 307: - 5'- CTAGGTGACGCCAAAGCGCC SEQ ID No. 308: 5'- ACGCCAAAGCGCCTTTTAAC SEQ ID No. 309: 5'- CGCCAAAGCGCCTTTTÄACT SEQ ID No. 310: 5'- TGACGCCAAAGCGCCTTTTA SEQ ID No. 311: 5'- TCTCTAGGTGACGCCAAAGC 25 SEQ ID No. 312: 5'- GTGACGCCAAAGCGCCTTTT SEQ ID No. 313: 5'- GACGCCAAAGCGCCTTTTAA SEQ ID No. 314: 5'- ATCTCTAGGTGACGCCAAAG SEQ ID No. 315: 5'- CATCTCTAGGTGACGCCAAA SEQ ID No. 316: 5'- TCCATCTCTAGGTGACGCCA 30 SEQ ID No. 317: 5'- CCATCTCTAGGTGACGCCAA

| | | • |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 318: | 5'- CTGCCTTAGACGGCTCCCCC |
| | SEQ ID No. 319: | 5'- CCTGCCTTAGACGGCTCCCC |
| | SEQ ID No. 320: | 5'- GTGTCATGCGACACTGAGTT |
| | SEQ ID No. 321: | 5'- TGTGTCATGCGACACTGAGT |
| 5 | SEQ ID No. 322: | 5'- CTTTGTGTCATGCGACACTG |
| | SEQ ID No. 323: | 5'- TTGTGTCATGCGACACTGAG |
| | SEQ ID No. 324: | 5'- TGCCTTAGACGGCTCCCCCT |
| | SEQ ID No. 325: | 5'- AGACGGCTCCCCTAAAAGG |
| | SEQ ID No. 326: | 5'- TAGACGGCTCCCCCTAAAAG |
| 10 | SEQ ID No. 327: | 5'- GCCTTAGACGGCTCCCCCTA |
| | SEQ ID No. 328: | 5'- GCTCCCCTAAAAGGTTAGG |
| | SEQ ID No. 329: | 5'- GGCTCCCCTAAAAGGTTAG |
| | SEQ ID No. 330: | 5'- CTCCCCTAAAAGGTTAGGC |
| | SEQ ID No. 331: | 5'- TCCCCCTAAAAGGTTAGGCC |
| 15 | SEQ ID No. 332: | 5'- CCCTAAAAGGTTAGGCCACC |
| | SEQ ID No. 333: | 5'- CCCCTAAAAGGTTAGGCCAC |
| | SEQ ID No. 334: | 5'- CGGCTCCCCTAAAAGGTTA |
| | SEQ ID No. 335: | 5'- CCCCCTAAAAGGTTAGGCCA |
| | SEQ ID No. 336: | 5'- CTTAGACGGCTCCCCCTAAA |
| 20 | SEQ ID No. 337: | 5'- TTAGACGGCTCCCCTAAAA |
| | SEQ ID No. 338: | 5'- GGGTTCGCAACTCGTTGTAT |
| | SEQ ID No. 339: | 5'- CCTTAGACGGCTCCCCTAA |
| | SEQ ID No. 340: | 5'- ACGGCTCCCCTAAAAGGTT |
| | SEQ ID No. 341: | 5'- GACGGCTCCCCCTAAAAGGT |
| 25 | | |
| | | |

Die Sequenzen SEQ ID No. 302 bis SEQ ID No. 341 sind vor allem zum Nachweis von *Leuconostoc pseudomesenteroides* geeignet.

SEQ ID No. 342: 5'- ACGCCGCAAGACCATCCTCT
SEQ ID No. 343: 5'- CTAATACGCCGCAAGACCAT

30

| | SEQ ID No. 344: | 5'- TACGCCGCAAGACCATCCTC |
|----|-----------------|---------------------------|
| | SEQ ID No. 345: | 5'- GTTACGATCTAGCAAGCCGC |
| | SEQ ID No. 346: | 5'- AATACGCCGCAAGACCATCC |
| | SEQ ID No. 347: | 5'- CGCCGCAAGACCATCCTCTA |
| 5 | SEQ ID No. 348: | 5'- GCTAATACGCCGCAAGACCA' |
| | SEQ ID No. 349: | 5'- ACCATCCTCTAGCGATCCAA |
| | SEQ ID No. 350: | 5'- TAATACGCCGCAAGACCATC |
| | SEQ ID No. 351: | 5'- AGCCATCCCTTTCTGGTAAG |
| | SEQ ID No. 352: | 5'- ATACGCCGCAAGACCATCCT |
| 10 | SEQ ID No. 353: | 5'- AGTTACGATCTAGCAAGCCG |
| | SEQ ID No. 354: | 5'- AGCTAATACGCCGCAAGACC |
| | SEQ ID No. 355: | 5'- GCCGCAAGACCATCCTCTAG |
| | SEQ ID No. 356: | 5'- TTACGATCTAGCAAGCCGCT |
| | SEQ ID No. 357: | 5'- GACCATCCTCTAGCGATCCA |
| 15 | SEQ ID No. 358: | 5'- TTGCTACGTCACTAGGAGGC |
| | SEQ ID No. 359: | 5'- ACGTCACTAGGAGGCGGAAA |
| | SEQ ID No. 360: | 5'- TTTGCTACGTCACTAGGAGG |
| | SEQ ID No. 361: | 5'- GCCATCCCTTTCTGGTAAGG |
| | SEQ ID No. 362: | 5'- TACGTCACTAGGAGGCGGAA |
| 20 | SEQ ID No. 363: | 5'- CGTCACTAGGAGGCGGAAAC |
| | SEQ ID No. 364: | 5'- AAGACCATCCTCTAGCGATC |
| | SEQ ID No. 365: | 5'- GCACGTATTTAGCCATCCCT |
| | SEQ ID No. 366: | 5'- CTCTAGCGATCCAAAAGGAC |
| | SEQ ID No. 367: | 5'- CCTCTAGCGATCCAAAAGGA |
| 25 | SEQ ID No. 368: | 5'- CCATCCTCTAGCGATCCAAA |
| | SEQ ID No. 369: | 5'- GGCACGTATTTAGCCATCCC |
| | SEQ ID No. 370: | 5'- TACGATCTAGCAAGCCGCTT |
| | SEQ ID No. 371: | 5'- CAGTTACGATCTAGCAAGCC |
| | SEQ ID No. 372: | 5'- CCGCAAGACCATCCTCTAGC |
| 30 | SEQ ID No. 373: | 5'- CCATCCCTTTCTGGTAAGGT |
| | | |

| | SEQ ID No. 374: | 5'- AGACCATCCTCTAGCGATCC |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 375: | 5'- CAAGACCATCCTCTAGCGAT |
| | SEQ ID No. 376: | 5'- GCTACGTCACTAGGAGGCGG |
| | SEQ ID No. 377: | 5'- TGCTACGTCACTAGGAGGCG |
| 5 | SEQ ID No. 378: | 5'- CTACGTCACTAGGAGGCGGA |
| | SEQ ID No. 379: | 5'- CCTCAACGTCAGTTACGATC |
| | SEQ ID No. 380: | 5'- GTCACTAGGAGGCGGAAACC |
| | SEQ ID No. 381: | 5'- TCCTCTAGCGATCCAAAAGG |
| | SEQ ID No. 382: | 5'- TGGCACGTATTTAGCCATCC |
| 10 | SEQ ID No. 383: | 5'- ACGATCTAGCAAGCCGCTTT |
| | SEQ ID No. 384: | 5'- GCCAGTCTCTCAACTCGGCT |
| | SEQ ID No. 385: | 5'- AAGCTAATACGCCGCAAGAC |
| | SEQ ID No. 386: | 5'- GTTTGCTACGTCACTAGGAG |
| | SEQ ID No. 387: | 5'- CGCCACTCTAGTCATTGCCT |
| 15 | SEQ ID No. 388: | 5'- GGCCAGCCAGTCTCTCAACT |
| | SEQ ID No. 389: | 5'- CAGCCAGTCTCTCAACTCGG |
| | SEQ ID No. 390: | 5'- CCCGAAGATCAATTCAGCGG |
| | SEQ ID No. 391: | 5'- CCGGCCAGTCTCTCAACTCG |
| | SEQ ID No. 392: | 5'- CCAGCCAGTCTCTCAACTCG |
| 20 | SEQ ID No. 393: | 5'- TCATTGCCTCACTTCACCCG |
| | SEQ ID No. 394: | 5'- GCCAGCCAGTCTCTCAACTC |
| | SEQ ID No. 395: | 5'- CACCCGAAGATCAATTCAGC |
| | SEQ ID No. 396: | 5'- GTCATTGCCTCACTTCACCC |
| | SEQ ID No. 397: | 5'- CATTGCCTCACTTCACCCGA |
| 25 | SEQ ID No. 398: | 5'- ATTGCCTCACTTCACCCGAA |
| | SEQ ID No. 399: | 5'- CGAAGATCAATTCAGCGGCT |
| | SEQ ID No. 400: | 5'- AGTCATTGCCTCACTTCACC |
| | SEQ ID No. 401: | 5'- TCGCCACTCTAGTCATTGCC |
| | SEQ ID No. 402: | 5'- TTGCCTCACTTCACCCGAAG |
| 30 | SEQ ID No. 403: | 5'- CGGCCAGTCTCTCAACTCGG |
| | | |

- 34 -

| | SEQ ID No. 404: | 5'- CTGGCACGTATTTAGCCATC |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 405: | 5'- ACCCGAAGATCAATTCAGCG |
| • | SEQ ID No. 406: | 5'- TCTAGCGATCCAAAAGGACC |
| | SEQ ID No. 407: | 5'- CTAGCGATCCAAAAGGACCT |
| 5 | SEQ ID No. 408: | 5'- GCACCCATCGTTTACGGTAT |
| | SEQ ID No. 409: | 5'- CACCCATCGTTTACGGTATG |
| | SEQ ID No. 410: | 5'- GCCACTCTAGTCATTGCCTC |
| | SEQ ID No. 411: | 5'- CGTTTGCTACGTCACTAGGA |
| | SEQ ID No. 412: | 5'- GCCTCAACGTCAGTTACGAT |
| 10 | SEQ ID No. 413: | 5'- GCCGGCCAGTCTCTCAACTC |
| | SEQ ID No. 414: | 5'- TCACTAGGAGGCGGAAACCT |
| | SEQ ID No. 415: | 5'- AGCCTCAACGTCAGTTACGA |
| | SEQ ID No. 416: | 5'- AGCCAGTCTCTCAACTCGGC |
| | SEQ ID No. 417: | 5'- GGCCAGTCTCTCAACTCGGC |
| 15 | SEQ ID No. 418: | 5'- CAAGCTAATACGCCGCAAGA |
| | SEQ ID No. 419: | 5'- TTCGCCACTCTAGTCATTGC |
| | SEQ ID No. 420: | 5'- CCGAAGATCAATTCAGCGGC |
| | SEQ ID No. 421: | 5'- CGCAAGACCATCCTCTAGCG |
| • | SEQ ID No. 422: | 5'- GCAAGACCATCCTCTAGCGA |
| 20 | SEQ ID No. 423: | 5'- GCGTTTGCTACGTCACTAGG |
| | SEQ ID No. 424: | 5'- CCACTCTAGTCATTGCCTCA |
| | SEQ ID No. 425: | 5'- CACTCTAGTCATTGCCTCAC |
| | SEQ ID No. 426: | 5'- CCAGTCTCTCAACTCGGCTA |
| | SEQ ID No. 427: | 5'- TTACCTTAGGCACCGGCCTC |
| 25 | SEQ ID No. 428: | 5'- ACAAGCTAATACGCCGCAAG |
| | SEQ ID No. 429: | 5'- TTTACCTTAGGCACCGGCCT |
| | SEQ ID No. 430: | 5'- TTTTACCTTAGGCACCGGCC |
| | SEQ ID No. 431: | 5'- ATTTTACCTTAGGCACCGGC |
| | SEQ ID No. 432: | 5'- GATTTTACCTTAGGCACCGG |
| 30 | SEQ ID No. 433: | 5'- CTCACTTCACCCGAAGATCA |
| | | |

| | SEQ ID No. 434: | 5'- ACGCCACCAGCGTTCATCCT |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 435: | 5'- GCCAAGCGACTTTGGGTACT |
| | SEQ ID No. 436: | 5'- CGGAAAATTCCCTACTGCAG |
| | SEQ ID No. 437: | 5'- CGATCTAGCAAGCCGCTTTC |
| 5 | SEQ ID No. 438: | 5'- GGTACCGTCAAGCTGAAAAC |
| | SEQ ID No. 439: | 5'- TGCCTCACTTCACCCGAAGA |
| | SEQ ID No. 440: | 5'- GGCCGGCCAGTCTCTCAACT |
| | SEQ ID No. 441: | 5'- GGTAAGGTACCGTCAAGCTG |
| | SEQ ID No. 442: | 5'- GTAAGGTACCGTCAAGCTGA |
| 10 | SEQ ID No. 443: | 5'- CCGCAAGACCATCCTCTAGG |
| | SEQ ID No. 444: | 5'- ATTTAGCCATCCCTTTCTGG |
| | | |

Die Sequenzen SEQ ID No. 342 bis SEQ ID No. 444 sind vor allem zum Nachweis von *Oenococcus oeni* geeignet.

15 SEQ ID No. 445: 5'- AACCCTTCATCACACACG SEQ ID No. 446: 5'- CGAAACCCTTCATCACAC SEQ ID No. 447: 5'- ACCCTTCATCACACACGC SEQ ID No. 448: 5'- TACCGTCACACACTGAAC 5'- AGATACCGTCACACACTG . __ 20 SEQ ID No. 449: SEQ ID No. 450: 5'- CACTCAAGGGCGGAAACC SEQ ID No. 451: 5'- ACCGTCACACACTGAACA SEQ ID No. 452: 5'- CGTCACACACTGAACAGT SEQ ID No. 453: 5'- CCGAAACCCTTCATCACA 25 SEQ ID No. 454: 5'- CCGTCACACACTGAACAG SEQ ID No. 455: 5'- GATACCGTCACACACTGA SEQ ID No. 456: 5'- GGTAAGATACCGTCACAC SEQ ID No. 457: 5'- CCCTTCATCACACACGCG SEQ ID No. 458: 5'- ACAGTGTTTTACGAGCCG 30 SEQ ID No. 459: 5'- CAGTGTTTTACGAGCCGA

| | SEQ ID No. 460: | 5'- ACAAAGCGTTCGACTTGC |
|----|-----------------|------------------------|
| | SEQ ID No. 461: | 5'- CGGATAACGCTTGGAACA |
| | SEQ ID No. 462: | 5'- AGGGCGGAAACCCTCGAA |
| | SEQ ID No. 463: | 5'- GGGCGGAAACCCTCGAAC |
| 5 | SEQ ID No. 464: | 5'- GGCGGAAACCCTCGAACA |
| | SEQ ID No. 465: | 5'- TGAGGGCTTTCACTTCAG |
| | SEQ ID No. 466: | 5'- AGGGCTTTCACTTCAGAC |
| | SEQ ID No. 467: | 5'- GAGGGCTTTCACTTCAGA |
| | SEQ ID No. 468: | 5'- ACTGCACTCAAGTCATCC |
| 10 | SEQ ID No. 469: | 5'- CCGGATAACGCTTGGAAC |
| | SEQ ID No. 470: | 5'- TCCGGATAACGCTTGGAA |
| | SEQ ID No. 471: | 5'- TATCCCCTGCTAAGAGGT |
| | SEQ ID No. 472: | 5'- CCTGCTAAGAGGTAGGTT |
| | SEQ ID No. 473: | 5'- CCCTGCTAAGAGGTAGGT |
| 15 | SEQ ID No. 474: | 5'- CCCCTGCTAAGAGGTAGG |
| | SEQ ID No. 475: | 5'- TCCCCTGCTAAGAGGTAG |
| | SEQ ID No. 476: | 5'- ATCCCCTGCTAAGAGGTA |
| | SEQ ID No. 477: | 5'- CCGTTCCTTTCTGGTAAG |
| | SEQ ID No. 478: | 5'- GCCGTTCCTTTCTGGTAA |
| 20 | SEQ ID No. 479: | 5'- AGCCGTTCCTTTCTGGTA |
| | SEQ ID No. 480: | 5'- GCACGTATTTAGCCGTTC |
| | SEQ ID No. 481: | 5'- CACGTATTTAGCCGTTCC |
| | SEQ ID No. 482: | 5'- GGCACGTATTTAGCCGTT |
| | SEQ ID No. 483: | 5'- CACTTTCCTCTACTGCAC |
| 25 | SEQ ID No. 484: | 5'- CCACTTTCCTCTACTGCA |
| | SEQ ID No. 485: | 5'- TCCACTTTCCTCTACTGC |
| | SEQ ID No. 486: | 5'- CTTTCCTCTACTGCACTC |
| | SEQ ID No. 487: | 5'- TAGCCGTTCCTTTCTGGT |
| | SEQ ID No. 488: | 5'- TTAGCCGTTCCTTTCTGG |
| 30 | SEQ ID No. 489: | 5'-TTATCCCCTGCTAAGAGG |
| | | |

- 37 -

Die Sequenzen SEQ ID No. 445 bis SEQ ID No. 495 sind vor allem zum Nachweis von Bakterien der Gattung Weissella geeignet.

10

SEQ ID No. 496: 5' CCCGTGTCCCGAAGGAAC SEQ ID No. 497: 5' GCACGAGTATGTCAAGAC SEQ ID No. 498: 5' GTATCCCGTGTCCCGAAG SEQ ID No. 499: 5' TCCCGTGTCCCGAAGGAA 15 SEQ ID No. 500: 5' ATCCCGTGTCCCGAAGGA SEQ ID No. 501: 5' TATCCCGTGTCCCGAAGG SEQ ID No. 502: 5' CTTACCTTAGGAAGCGCC SEQ ID No. 503: 5' TTACCTTAGGAAGCGCCC 5' CCTGTATCCCGTGTCCCG SEQ ID No. 504: SEQ ID No. 505: 20 5' CCACCTGTATCCCGTGTC SEQ ID No. 506: 5' CACCTGTATCCCGTGTCC SEQ ID No. 507: 5' ACCTGTATCCCGTGTCCC SEQ ID No. 508: 5' CTGTATCCCGTGTCCCGA SEQ ID No. 509: 5' TGTATCCCGTGTCCCGAA 25 SEQ ID No. 510: 5' CACGAGTATGTCAAGACC SEQ ID No. 511: 5' CGGTCTTACCTTAGGAAG SEQ ID No. 512: 5' TAGGAAGCGCCCTCCTTG SEQ ID No. 513: 5' AGGAAGCGCCCTCCTTGC SEQ ID No. 514: 5' TTAGGAAGCGCCCTCCTT 30 SEQ ID No. 515: 5' CTTAGGAAGCGCCCTCCT

| | SEQ ID No. 516: | 5' CCTTAGGAAGCGCCCTCC |
|----|-----------------|-----------------------|
| | SEQ ID No. 517: | 5' ACCTTAGGAAGCGCCCTC |
| | SEQ ID No. 518: | 5' TGCACACAATGGTTGAGO |
| | SEQ ID No. 519: | 5' TACCTTAGGAAGCGCCCT |
| 5 | SEQ ID No. 520: | 5' ACCACCTGTATCCCGTGT |
| | SEQ ID No. 521: | 5' GCACCACCTGTATCCCGT |
| | SEQ ID No. 522: | 5' CACCACCTGTATCCCGTG |
| | SEQ ID No. 523: | 5' GCGGTTAGGCAACCTACT |
| | SEQ ID No. 524: | 5' TGCGGTTAGGCAACCTAC |
| 10 | SEQ ID No. 525: | 5' TTGCGGTTAGGCAACCTA |
| | SEQ ID No. 526: | 5' GGTCTTACCTTAGGAAGC |
| | SEQ ID No. 527: | 5' GCTAATACAACGCGGGAT |
| | SEQ ID No. 528: | 5' CTAATACAACGCGGGATC |
| | SEQ ID No. 529: | 5' ATACAACGCGGGATCATC |
| 15 | SEQ ID No. 530: | 5' CGGTTAGGCAACCTACTT |
| | SEQ ID No. 531: | 5' TGCACCACCTGTATCCCG |
| | SEQ ID No. 532: | 5' GAAGCGCCCTCCTTGCGG |
| | SEQ ID No. 533: | |
| | SEQ ID No. 534: | 5' CGTCCCTTTCTGGTTAGA |
| 20 | SEQ ID No. 535: | 5' AGCTAATACAACGCGGGA |
| | SEQ ID No. 536: | 5' TAGCTAATACAACGCGGG |
| | SEQ ID No. 537: | 5' CTAGCTAATACAACGCGG |
| | SEQ ID No. 538: | 5' GGCTATGTATCATCGCCT |
| | SEQ ID No. 539: | 5' GAGCCACTGCCTTTTACA |
| 25 | SEQ ID No. 540: | 5' GTCGGCTATGTATCATCG |
| | SEQ ID No. 541: | 5' GGTCGGCTATGTATCATC |
| | SEQ ID No. 542: | 5' CAGGTCGGCTATGTATCA |
| | SEQ ID No. 543: | 5' CGGCTATGTATCATCGCC |
| | SEQ ID No. 544: | |
| 30 | SEQ ID No. 545: | 5' GTCTTACCTTAGGAAGCG |
| | | |

SEQ ID No. 546: 5' TCTTACCTTAGGAAGCGC

Die Sequenzen SEQ ID No. 496 bis SEQ ID No. 546 sind vor allem zum Nachweis von Bakterien der Gattung Lactococcus geeignet.

5'- GTACAAACCGCCTACACGCC

5

SEQ ID No. 547:

d) Nukleinsäuresondenmoleküle, die spezifisch getränkeschädliche Essigsäurebakterien nachweisen:

10 SEQ ID No. 548: 5'- TGTACAAACCGCCTACACGC SEQ ID No. 549: 5'- GATCAGCACGATGTCGCCAT SEQ ID No. 550: 5'- CTGTACAAACCGCCTACACG SEQ ID No. 551: 5'- GAGATCAGCACGATGTCGCC SEQ ID No. 552: 5'- AGATCAGCACGATGTCGCCA 15 SEQ ID No. 553: 5'- ATCAGCACGATGTCGCCATC SEQ ID No. 554: 5'- TCAGCACGATGTCGCCATCT SEQ ID No. 555: 5'- ACTGTACAAACCGCCTACAC SEQ ID No. 556: 5'- CCGCCACTAAGGCCGAAACC SEQ ID No. 557: 5'- CAGCACGATGTCGCCATCTA SEQ ID No. 558: 20 5'- TACAAACCGCCTACACGCCC SEQ ID No. 559: 5'- AGCACGATGTCGCCATCTAG SEQ ID No. 560: 5'- CGGCTTTTAGAGATCAGCAC SEQ ID No. 561: 5'- TCCGCCACTAAGGCCGAAAC SEQ ID No. 562: 5'- GACTGTACAAACCGCCTACA 25 SEQ ID No. 563: 5'- GTCCGCCACTAAGGCCGAAA SEQ ID No. 564: 5'- GGGGATTTCACATCTGACTG SEQ ID No. 565: 5'- CATACAAGCCCTGGTAAGGT SEQ ID No. 566: 5'- ACAAGCCCTGGTAAGGTTCT SEQ ID No. 567: 5'- ACAAACCGCCTACACGCCCT 30 SEQ ID No. 568: 5'- CTGACTGTACAAACCGCCTA

| | SEQ ID No. 569: | 5'- TGACTGTACAAACCGCCTAC |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 570: | 5'- ACGATGTCGCCATCTAGCTT |
| | SEQ ID No. 571: | 5'- CACGATGTCGCCATCTAGCT |
| | SEQ ID No. 572: | 5'- CGATGTCGCCATCTAGCTTC |
| 5 | SEQ ID No. 573: | 5'- GCACGATGTCGCCATCTAGC |
| | SEQ ID No. 574: | 5'- GATGTCGCCATCTAGCTTCC |
| | SEQ ID No. 575: | 5'- ATGTCGCCATCTAGCTTCCC |
| | SEQ ID No. 576: | 5'- TGTCGCCATCTAGCTTCCCA |
| | SEQ ID No. 577: | 5'- GCCATCTAGCTTCCCACTGT |
| 10 | SEQ ID No. 578: | 5'- TCGCCATCTAGCTTCCCACT |
| | SEQ ID No. 579: | 5'- CGCCATCTAGCTTCCCACTG |
| | SEQ ID No. 580: | 5'- GTCGCCATCTAGCTTCCCAC |
| | SEQ ID No. 581: | 5'- TACAAGCCCTGGTAAGGTTC |
| | SEQ ID No. 582: | 5'- GCCACTAAGGCCGAAACCTT |
| 15 | SEQ ID No. 583: | 5'- ACTAAGGCCGAAACCTTCGT |
| | SEQ ID No. 584: | 5'- CTAAGGCCGAAACCTTCGTG |
| | SEQ ID No. 585: | 5'- CACTAAGGCCGAAACCTTCG |
| | SEQ ID No. 586: | 5'- AAGGCCGAAACCTTCGTGCG |
| | SEQ ID No. 587: | 5'- CCACTAAGGCCGAAACCTTC |
| 20 | SEQ ID No. 588: | 5'- TAAGGCCGAAACCTTCGTGC |
| | SEQ ID No. 589: | 5'- AGGCCGAAACCTTCGTGCGA |
| | SEQ ID No. 590: | 5'- TCTGACTGTACAAACCGCCT |
| | SEQ ID No. 591: | 5'- CATCTGACTGTACAAACCGC |
| | SEQ ID No. 592: | 5'- ATCTGACTGTACAAACCGCC |
| 25 | SEQ ID No. 593: | 5'- CTTCGTGCGACTTGCATGTG |
| | SEQ ID No. 594: | 5'- CCTTCGTGCGACTTGCATGT |
| | SEQ ID No. 595: | 5'- CTCTCTAGAGTGCCCACCCA |
| | SEQ ID No. 596: | 5'- TCTCTAGAGTGCCCACCCAA |
| | SEQ ID No. 597: | 5'- ACGTATCAAATGCAGCTCCC |
| 30 | SEQ ID No. 598: | 5'- CGTATCAAATGCAGCTCCCA |
| | | |

| | SEQ ID No. 599: | 5'- CGCCACTAAGGCCGAAACCT |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 600: | 5'- CCGAAACCTTCGTGCGACTT |
| | SEQ ID No. 601: | 5'- GCCGAAACCTTCGTGCGACT |
| | SEQ ID No. 602: | 5'- AACCTTCGTGCGACTTGCAT |
| 5 | SEQ ID No. 603: | 5'- CGAAACCTTCGTGCGACTTG |
| | SEQ ID No. 604: | 5'- ACCTTCGTGCGACTTGCATG |
| | SEQ ID No. 605: | 5'- GAAACCTTCGTGCGACTTGC |
| | SEQ ID No. 606: | 5'- GGCCGAAACCTTCGTGCGAC |
| | SEQ ID No. 607: | 5'- AAACCTTCGTGCGACTTGCA |
| 10 | SEQ ID No. 608: | 5'- CACGTATCAAATGCAGCTCC |

Die Sequenzen SEQ ID No. 547 bis SEQ ID No. 608 sind vor allem zum gleichzeitigen Nachweis von Bakterien der Gattungen Acetobacter und Gluconobacter geeignet.

SEQ ID No. 609: 5'- GCTCACCGGCTTAAGGTCAA SEQ ID No. 610: 5'- CGCTCACCGGCTTAAGGTCA SEQ ID No. 611: 5'- TCGCTCACCGGCTTAAGGTC SEQ ID No. 612: 5'- CTCACCGGCTTAAGGTCAAA 20 SEQ ID No. 613: 5'- CCCGACCGTGGTCGGCTGCG SEQ ID No. 614: 5'- GCTCACCGGCTTAAGGTCAA SEQ ID No. 615: 5'- CGCTCACCGGCTTAAGGTCA SEQ ID No. 616: 5'- TCGCTCACCGGCTTAAGGTC SEQ ID No. 617: 5'- CTCACCGGCTTAAGGTCAAA 25 SEQ ID No. 618: 5'- CCCGACCGTGGTCGGCTGCG SEQ ID No. 619: 5'- TCACCGGCTTAAGGTCAAAC SEQ ID No. 620: 5'- CAACCCTCTCTCACACTCTA SEQ ID No. 621: 5'- ACAACCCTCTCTCACACTCT SEQ ID No. 622: 5'- CCACAACCCTCTCTCACACT 30 SEQ ID No. 623: 5'- AACCCTCTCTCACACTCTAG

15

SEQ ID No. 624: 5'- CACAACCCTCTCTCACACTC

- 42 -

| | - | |
|----|-------------------|---------------------------|
| | SEQ ID No. 625: | 5'- TCCACAACCCTCTCTCACAC |
| | SEQ ID No. 626: | 5'- TTCCACAACCCTCTCTCACA |
| | SEQ ID No. 627: | 5'- ACCCTCTCTCACACTCTAGT |
| 5 | SEQ ID No. 628: - | 5'- GAGCCAGGTTGCCGCCTTCG |
| | SEQ ID No. 629: | 5'- AGGTCAAACCAACTCCCATG |
| | SEQ ID No. 630: | 5'- ATGAGCCAGGTTGCCGCCTT |
| | SEQ ID No. 631: | 5'- TGAGCCAGGTTGCCGCCTTC |
| | SEQ ID No. 632: | 5'- AGGCTCCTCCACAGGCGACT |
| 10 | SEQ ID No. 633: | 5'- CAGGCTCCTCCACAGGCGAC |
| | SEQ ID No. 634: | 5'- GCAGGCTCCTCCACAGGCGA |
| | SEQ ID No. 635: | 5'- TTCGCTCACCGGCTTAAGGT |
| | SEQ ID No. 636: | 5'- GTTCGCTCACCGGCTTAAGG |
| | SEQ ID No. 637: | 5'- GGTTCGCTCACCGGCTTAAG |
| 15 | SEQ ID No. 638: | 5'- ATTCCACAACCCTCTCTCAC |
| | SEQ ID No. 639: | 5'- TGACCCGACCGTGGTCGGCT |
| | SEQ ID No. 640: | 5'- CCCTCTCTCACACTCTAGTC |
| | SEQ ID No. 641: | 5'- GAATTCCACAACCCTCTCTC |
| | SEQ ID No. 642: | 5'- AGCCAGGTTGCCGCCTTCGC |
| 20 | SEQ ID No. 643: | 5'- GCCAGGTTGCCGCCTTCGCC |
| | SEQ ID No. 644: | 5'- GGAATTCCACAACCCTCTCT |
| | SEQ ID No. 645: | 5'- GGGAATTCCACAACCCTCTC |
| | SEQ ID No. 646: | -5'- AACGCAGGCTCCTCCACAGG |
| | SEQ ID No. 647: | 5'- CGGCTTAAGGTCAAACCAAC |
| 25 | SEQ ID No. 648: | 5'- CCGGCTTAAGGTCAAACCAA |
| | SEQ ID No. 649: | 5'- CACCGGCTTAAGGTCAAACC |
| | SEQ ID No. 650: | 5'- ACCGGCTTAAGGTCAAACCA |
| | SEQ ID No. 651: | 5'- ACCCAACATCCAGCACACAT |
| | SEQ ID No. 652: | 5'-TCGCTGACCCGACCGTGGTC |
| 30 | SEQ ID No. 653: | 5'- CGCTGACCCGACCGTGGTCG |
| | | |

- 43 -

| | SEQ ID No. 654: | 5'- GACCCGACCGTGGTCGGCTG |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 655: | 5'- GCTGACCCGACCGTGGTCGG |
| | SEQ ID No. 656: | 5'- CTGACCCGACCGTGGTCGGC |
| | SEQ ID No. 657: | 5'- CAGGCGACTTGCGCCTTTGA |
| 5 | SEQ ID No. 658: | 5'- TCATGCGGTATTAGCTCCAG |
| | SEQ ID No. 659: | 5'- ACTAGCTAATCGAACGCAGG |
| | SEQ ID No. 660: | 5'- CATGCGGTATTAGCTCCAGT |
| | SEQ ID No. 661: | 5'- CGCAGGCTCCTCCACAGGCG |
| | SEQ ID No. 662: | 5'- ACGCAGGCTCCTCCACAGGC |
| 10 | SEQ ID No. 663: | 5'- CTCAGGTGTCATGCGGTATT |
| | SEQ ID No. 664: | 5'- CGCCTTTGACCCTCAGGTGT |
| | SEQ ID No. 665: | 5'- ACCCTCAGGTGTCATGCGGT |
| | SEQ ID No. 666: | 5'- CCTCAGGTGTCATGCGGTAT |
| | SEQ ID No. 667: | 5'-TTTGACCCTCAGGTGTCATG |
| 15 | SEQ ID No. 668: | 5'- GACCCTCAGGTGTCATGCGG |
| | SEQ ID No. 669: | 5'- TGACCCTCAGGTGTCATGCG |
| | SEQ ID No. 670: | 5'- GCCTTTGACCCTCAGGTGTC |
| | SEQ ID No. 671: | 5'-TTGACCCTCAGGTGTCATGC |
| | SEQ ID No. 672: | 5'- CCCTCAGGTGTCATGCGGTA |
| 20 | SEQ ID No. 673: | 5'- CCTTTGACCCTCAGGTGTCA |
| | SEQ ID No. 674: | 5'- CTTTGACCCTCAGGTGTCAT |
| | SEQ ID No. 675: | 5'- AGTTATCCCCCACCCATGGA |
| | SEQ ID No. 676: | =5'-CCAGCTATCGATCATCGCCT |
| | SEQ ID No. 677: | 5'- ACCAGCTATCGATCATCGCC |
| 25 | SEQ ID No. 678: | 5'- CAGCTATCGATCATCGCCTT |
| | SEQ ID No. 679: | 5'- AGCTATCGATCATCGCCTTG |
| | SEQ ID No. 680: | 5'- GCTATCGATCATCGCCTTGG |
| | SEQ ID No. 681: | 5'- CTATCGATCATCGCCTTGGT |
| | SEQ ID No. 682: | 5'- TTCGTGCGACTTGCATGTGT |
| 30 | SEQ ID No. 683: | 5'- TCGATCATCGCCTTGGTAGG |
| | | |

PCT/EP2004/010695

| | SEQ ID No. 684: | 5'- ATCGATCATCGCCTTGGTAG |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 685: | 5'- CACAGGCGACTTGCGCCTTT |
| | SEQ ID No. 686: | 5'- CCACAGGCGACTTGCGCCTT |
| | SEQ ID No. 687: | 5'- TCCACAGGCGACTTGCGCCT |
| 5 | SEQ ID No. 688: | 5'- TCCTCCACAGGCGACTTGCG |
| | SEQ ID No. 689: | 5'- CCTCCACAGGCGACTTGCGC |
| | SEQ ID No. 690: | 5'- CTCCACAGGCGACTTGCGCC |
| | SEQ ID No. 691: | 5'- ACAGGCGACTTGCGCCTTTG |
| | SEQ ID No. 692: | 5'- GCTCACCGGCTTAAGGTCAA |
| 10 | SEQ ID No. 693: | 5'- CGCTCACCGGCTTAAGGTCA |
| | SEQ ID No. 694: | 5'- TCGCTCACCGGCTTAAGGTC |
| | SEQ ID No. 695: | 5'- CTCACCGGCTTAAGGTCAAA |
| | SEQ ID No. 696: | 5'- CCCGACCGTGGTCGGCTGCG |
| | SEQ ID No. 697: | 5'- TCACCGGCTTAAGGTCAAAC |
| 15 | SEQ ID No. 698: | 5'- CAACCCTCTCTCACACTCTA |
| | SEQ ID No. 699: | 5'- ACAACCCTCTCTCACACTCT |
| | SEQ ID No. 700: | 5'- CCACAACCCTCTCTCACACT |
| | SEQ ID No. 701: | 5'- AACCCTCTCTCACACTCTAG |
| | SEQ ID No. 702: | 5'- CACAACCCTCTCTCACACTC |
| 20 | SEQ ID No. 703: | 5'- TCCACAACCCTCTCACAC |
| | SEQ ID No. 704: | 5'- TTCCACAACCCTCTCTCACA |
| | SEQ ID No. 705: | 5'-ACCCTCTCTCACACTCTAGT |
| | SEQ ID No. 706: | "5"-GAGCCAGGTTGCCGCCTTCG |
| | SEQ ID No. 707: | 5'- AGGTCAAACCAACTCCCATG |
| 25 | SEQ ID No. 708: | 5'- ATGAGCCAGGTTGCCGCCTT |
| | SEQ ID No. 709: | 5'- TGAGCCAGGTTGCCGCCTTC |
| | SEQ ID No. 710: | 5'- AGGCTCCTCCACAGGCGACT |
| | SEQ ID No. 711: | 5'- CAGGCTCCTCCACAGGCGAC |
| | SEQ ID No. 712: | 5'- GCAGGCTCCTCCACAGGCGA |
| 30 | SEQ ID No. 713: | 5'- TTCGCTCACCGGCTTAAGGT |
| | | |

- 45 -

| | SEQ ID No. 714: | 5'- GTTCGCTCACCGGCTTAAGG |
|----|------------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 715: | 5'- GGTTCGCTCACCGGCTTAAG |
| | SEQ ID No. 716: | 5'- ATTCCACAACCCTCTCTCAC |
| | SEQ ID No. 717: | 5'- TGACCCGACCGTGGTCGGCT |
| 5 | SEQ ID No.+718:- | 5'-CCCTCTCTCACACTCTAGTC |
| | SEQ ID No. 719: | 5'- GAATTCCACAACCCTCTCTC |
| | SEQ ID No. 720: | 5'- AGCCAGGTTGCCGCCTTCGC |
| | SEQ ID No. 721: | 5'- GCCAGGTTGCCGCCTTCGCC |
| | SEQ ID No. 722: | 5'- GGAATTCCACAACCCTCTCT |
| 10 | SEQ ID No. 723: | 5'- GGGAATTCCACAACCCTCTC |
| | SEQ ID No. 724: | 5'- AACGCAGGCTCCTCCACAGG |
| | SEQ ID No. 725: | 5'- CGGCTTAAGGTCAAACCAAC |
| | SEQ ID No. 726: | 5'- CCGGCTTAAGGTCAAACCAA |
| | SEQ ID No. 727: | 5'- CACCGGCTTAAGGTCAAACC |
| 15 | SEQ ID No. 728: | 5'- ACCGGCTTAAGGTCAAACCA |
| | SEQ ID No. 729: | 5'- ACCCAACATCCAGCACACAT |
| | SEQ ID No. 730: | 5'- TCGCTGACCCGACCGTGGTC |
| | SEQ ID No. 731: | 5'- CGCTGACCCGACCGTGGTCG |
| | SEQ ID No. 732: | 5'- GACCCGACCGTGGTCGGCTG |
| 20 | SEQ ID No733: | 5'GCTGACCCGACCGTGGTCGG |
| | SEQ ID No. 734: | 5'- CTGACCCGACCGTGGTCGGC |
| | SEQ ID No. 735: | 5'- CAGGCGACTTGCGCCTTTGA |
| | SEQ ID No. 736: | ~5~TCATGCGGTATTAGCTCCAG |
| | SEQ ID No. 737: | 5'- ACTAGCTAATCGAACGCAGG |
| 25 | SEQ ID No. 738: | 5'- CATGCGGTATTAGCTCCAGT |
| | SEQ ID No. 739: | 5'- CGCAGGCTCCTCCACAGGCG |
| | SEQ ID No. 740: | 5'- ACGCAGGCTCCTCCACAGGC |
| | SEQ ID No. 741: | 5'- CTCAGGTGTCATGCGGTATT |
| | SEQ ID No. 742: | 5'- CGCCTTTGACCCTCAGGTGT |
| 30 | SEQ ID No. 743: | 5'- ACCCTCAGGTGTCATGCGGT |
| | | |

| | SEQ ID No. 744: | 5'- CCTCAGGTGTCATGCGGTAT |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 745: | 5'- TTTGACCCTCAGGTGTCATG |
| | SEQ ID No. 746: | 5'- GACCCTCAGGTGTCATGCGG |
| | SEQ ID No. 747: | 5'- TGACCCTCAGGTGTCATGCG |
| 5 | SEQ ID No. 748: | |
| | SEQ ID No. 749: | 5'- TTGACCCTCAGGTGTCATGC |
| | SEQ ID No. 750: | 5'- CCCTCAGGTGTCATGCGGTA |
| | SEQ ID No. 751: | 5'- CCTTTGACCCTCAGGTGTCA |
| | SEQ ID No. 752: | 5'- CTTTGACCCTCAGGTGTCAT |
| 10 | SEQ ID No. 753: | 5'- AGTTATCCCCCACCCATGGA |
| | SEQ ID No. 754: | 5'- CCAGCTATCGATCATCGCCT |
| | SEQ ID No. 755: | 5'- ACCAGCTATCGATCATCGCC |
| | SEQ ID No. 756: | 5'- CAGCTATCGATCATCGCCTT |
| | SEQ ID No. 757: | 5'- AGCTATCGATCATCGCCTTG |
| 15 | SEQ ID No. 758: | 5'- GCTATCGATCATCGCCTTGG |
| | SEQ ID No. 759: | 5'- CTATCGATCATCGCCTTGGT |
| | SEQ ID No. 760: | 5'- TTCGTGCGACTTGCATGTGT |
| | SEQ ID No. 761: | 5'- TCGATCATCGCCTTGGTAGG |
| | SEQ ID No. 762: | 5'- ATCGATCATCGCCTTGGTAG |
| 20 | SEQ ID No. 763: | 5'- CACAGGCGACTTGCGCCTTT |
| | SEQ ID No. 764: | 5'- CCACAGGCGACTTGCGCCTT |
| | SEQ ID No. 765: | 5'- TCCACAGGCGACTTGCGCCT |
| | SEQ ID No. 766: | 5'-TCCTCCACAGGCGACTTGCG |
| | SEQ ID No. 767: | 5'- CCTCCACAGGCGACTTGCGC |
| 25 | SEQ ID No. 768: | 5'- CTCCACAGGCGACTTGCGCC |
| | SEQ ID No. 769: | 5'- ACAGGCGACTTGCGCCTTTG |
| | SEQ ID No. 770: | 5'- TCACCGGCTTAAGGTCAAAC |
| | SEQ ID No. 771: | 5'- CAACCCTCTCTCACACTCTA |
| | SEQ ID No. 772: | 5'- ACAACCCTCTCTCACACTCT |
| 30 | SEQ ID No. 773: | 5'- CCACAACCCTCTCTCACACT |

| | SEQ ID No. 774: | 5'- AACCCTCTCTCACACTCTAG |
|----|-------------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 775: | 5'- CACAACCCTCTCTCACACTC |
| | SEQ ID No. 776: | 5'- TCCACAACCCTCTCTCACAC |
| | SEQ ID No. 777: | 5'- TTCCACAACCCTCTCTCACA |
| 5 | SEQ ID No. 778: | - 5'ACGGTCTCTCACACTCTAGT |
| | SEQ ID No. 779: | 5'- GAGCCAGGTTGCCGCCTTCG |
| | SEQ ID No. 780: | 5'- AGGTCAAACCAACTCCCATG |
| | SEQ ID No. 781: | 5'- ATGAGCCAGGTTGCCGCCTT |
| | SEQ ID No. 782: | 5'- TGAGCCAGGTTGCCGCCTTC |
| 10 | SEQ ID No. 783: | 5'- AGGCTCCTCCACAGGCGACT |
| | SEQ ID No. 784: | 5'- CAGGCTCCTCCACAGGCGAC |
| | SEQ ID No. 785: | 5'- GCAGGCTCCTCCACAGGCGA |
| | SEQ ID No. 786: | 5'- TTCGCTCACCGGCTTAAGGT |
| | SEQ ID No. 787: | 5'- GTTCGCTCACCGGCTTAAGG |
| 15 | SEQ ID No. 788: | 5'- GGTTCGCTCACCGGCTTAAG |
| | SEQ ID No. 789: | 5'- ATTCCACAACCCTCTCTCAC |
| | SEQ ID No. 790: | 5'- TGACCCGACCGTGGTCGGCT |
| | SEQ ID No. 791: | 5'- CCCTCTCTCACACTCTAGTC |
| | SEQ ID No. 792: | 5'- GAATTCCACAACCCTCTCTC |
| 20 | SEQ ID No. 793: | 5'- AGCCAGGTTGCCGCCTTCGC |
| | SEQ ID No. 794: | 5'- GCCAGGTTGCCGCCTTCGCC |
| | SEQ ID No. 795: | 5'- GGAATTCCACAACCCTCTCT |
| | SEQ ID No. 796: - | -5=:GGGAATTECACAACCCTCTC |
| | SEQ ID No. 797: | 5'- AACGCAGGCTCCTCCACAGG |
| 25 | SEQ ID No. 798: | 5'- CGGCTTAAGGTCAAACCAAC |
| | SEQ ID No. 799: | 5'- CCGGCTTAAGGTCAAACCAA |
| | SEQ ID No. 800: | 5'- CACCGGCTTAAGGTCAAACC |
| | SEQ ID No. 801: | 5'- ACCGGCTTAAGGTCAAACCA |
| | SEQ ID No. 802: | 5'- ACCCAACATCCAGCACACAT |
| 30 | SEQ ID No. 803: | 5'- TCGCTGACCCGACCGTGGTC |
| | | |

| | SEQ ID No. 804: | 5'- CGCTGACCCGACCGTGGTCG |
|----|-----------------|---------------------------|
| | SEQ ID No. 805: | 5'- GACCCGACCGTGGTCGGCTG |
| | SEQ ID No. 806: | 5'- GCTGACCCGACCGTGGTCGG |
| | SEQ ID No. 807: | 5'- CTGACCCGACCGTGGTCGGC |
| 5 | SEQ ID No. 808: | 5%- CAGGCGACTTGCGCCTTTGA |
| | SEQ ID No. 809: | 5'- TCATGCGGTATTAGCTCCAG |
| | SEQ ID No. 810: | 5'- ACTAGCTAATCGAACGCAGG |
| | SEQ ID No. 811: | 5'- CATGCGGTATTAGCTCCAGT |
| | SEQ ID No. 812: | 5'- CGCAGGCTCCTCCACAGGCG |
| 10 | SEQ ID No. 813: | 5'- ACGCAGGCTCCTCCACAGGC |
| | SEQ ID No. 814: | 5'- CTCAGGTGTCATGCGGTATT |
| | SEQ ID No. 815: | 5'- CGCCTTTGACCCTCAGGTGT |
| | SEQ ID No. 816: | 5'- ACCCTCAGGTGTCATGCGGT |
| | SEQ ID No. 817: | 5'- CCTCAGGTGTCATGCGGTAT |
| 15 | SEQ ID No. 818: | 5'- TTTGACCCTCAGGTGTCATG |
| | SEQ ID No. 819: | 5'- GACCCTCAGGTGTCATGCGG |
| | SEQ ID No. 820: | 5'- TGACCCTCAGGTGTCATGCG |
| | SEQ ID No. 821: | 5'- GCCTTTGACCCTCAGGTGTC |
| | SEQ ID No. 822: | 5'-TTGACCCTCAGGTGTCATGC |
| 20 | SEQ ID No. 823: | 5'- CCCTCAGGTGTCATGCGGTA. |
| | SEQ ID No. 824: | 5'- CCTTTGACCCTCAGGTGTCA |
| | SEQ ID No. 825: | 5'- CTTTGACCCTCAGGTGTCAT |
| | SEQ ID No. 826: | 5'- AGTTATCCCCCACCCATGGA |
| | SEQ ID No. 827: | 5'- CCAGCTATCGATCATCGCCT |
| 25 | SEQ ID No. 828: | 5'- ACCAGCTATCGATCATCGCC |
| | SEQ ID No. 829: | 5'- CAGCTATCGATCATCGCCTT |
| | SEQ ID No. 830: | 5'- AGCTATCGATCATCGCCTTG |
| | SEQ ID No. 831: | 5'- GCTATCGATCATCGCCTTGG |
| | SEQ ID No. 832: | 5'- CTATCGATCATCGCCTTGGT |
| 30 | SEQ ID No. 833: | 5'- TTCGTGCGACTTGCATGTGT |
| | | |

| | SEQ ID No. 834: | 5'- TCGATCATCGCCTTGGTAGG |
|---|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 835: | 5'- ATCGATCATCGCCTTGGTAG |
| | SEQ ID No. 836: | 5'- CACAGGCGACTTGCGCCTTT |
| | SEQ ID No. 837: | 5'- CCACAGGCGACTTGCGCCTT |
| 5 | SEQ ID No. 838: | 5'- TCCACAGGCGACTTGCGCCT |
| | SEQ ID No. 839: | 5'- TCCTCCACAGGCGACTTGCG |
| | SEQ ID No. 840: | 5'- CCTCCACAGGCGACTTGCGC |
| | SEQ ID No. 841: | 5'- CTCCACAGGCGACTTGCGCC |
| | SEQ ID No. 842: | 5'- ACAGGCGACTTGCGCCTTTG |
| _ | | |

10

Die Sequenzen SEQ ID No. 609 bis SEQ ID No. 842 sind vor allem zum gleichzeitigen Nachweis von Bakterien der Gattungen Acetobacter, Gluconobacter und Gluconoacetobacter geeignet.

e) Nukleinsäuresondenmoleküle, die spezifisch getränkeschädliche Bazillen nachweisen:

| | SEQ ID No. 843: | 5'- AGCCCCGGTTTCCCGGCGTT |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 844: | 5'- CGCCTTTCCTTTTTCCTCCA |
| 20 | SEQ ID No. 845: | 5'- GCCCGGTTTCCCGGCGTTA |
| | SEQ ID No. 846: | 5'- GCCGCCTTTCCTTTTTCCTC |
| | SEQ ID No. 847: | 5'- TAGCCCCGGTTTCCCGGCGT |
| | SEQ ID No. 848: | 5'- CCGGGTACCGTCAAGGCGCC |
| | SEQ ID No. 849: | 5'- AAGCCGCCTTTCCTTTTTCC |
| 25 | SEQ ID No. 850: | 5'- CCCCGGTTTCCCGGCGTTAT |
| | SEQ ID No. 851: | 5'- CCGGCGTTATCCCAGTCTTA |
| | SEQ ID No. 852: | 5'- AGCCGCCTTTCCTTTTTCCT |
| | SEQ ID No. 853: | 5'- CCGCCTTTCCTTTTTCCTCC |
| | SEQ ID No. 854: | 5'- TTAGCCCCGGTTTCCCGGCG |
| 30 | SEQ ID No. 855: | 5'- CCCGGCGTTATCCCAGTCTT |

- 50 -

| | SEQ ID No. 856: | 5'- GCCGGGTACCGTCAAGGCGC |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 857: | 5'- GGCCGGGTACCGTCAAGGCG |
| | SEQ ID No. 858: | 5'-TCCCGGCGTTATCCCAGTCT |
| | SEQ ID No. 859: | 5'- TGGCCGGGTACCGTCAAGGC |
| 5 | SEQ ID No. 860: | 5'- GAAGCCGCCTTTCCTTTTTC |
| | SEQ ID No. 861: | 5'- CCCGGTTTCCCGGCGTTATC |
| | SEQ ID No. 862: | 5'- CGGCGTTATCCCAGTCTTAC |
| | SEQ ID No. 863: | 5'- GGCGTTATCCCAGTCTTACA |
| | SEQ ID No. 864: | 5'- GCGTTATCCCAGTCTTACAG |
| 10 | SEQ ID No. 865: | 5'- CGGGTACCGTCAAGGCGCCG |
| | SEQ ID No. 866: | 5'- ATTAGCCCCGGTTTCCCGGC |
| | SEQ ID No. 867: | 5'- AAGGGGAAGGCCCTGTCTCC |
| | SEQ ID No. 868: | 5'- GGCCCTGTCTCCAGGGAGGT |
| | SEQ ID No. 869: | 5'- AGGCCCTGTCTCCAGGGAGG |
| 15 | SEQ ID No. 870: | 5'- AAGGCCCTGTCTCCAGGGAG |
| | SEQ ID No. 871: | 5'- GCCCTGTCTCCAGGGAGGTC |
| | SEQ ID No. 872: | 5'- CGTTATCCCAGTCTTACAGG |
| | SEQ ID No. 873: | 5'- GGGTACCGTCAAGGCGCCGC |
| | SEQ ID No. 874: | 5'- CGGCAACAGAGTTTTACGAC |
| 20 | SEQ ID No. 875: | 5'-GGGGAAGGCCCTGTCTCCAG |
| | SEQ ID No. 876: | 5'- AGGGGAAGGCCCTGTCTCCA |
| | SEQ ID No. 877: | 5'- GCAGCCGAAGCCGCCTTTCC |
| | SEQ ID No. 878: | 5'- TTCTTCCCCGGCAACAGAGT |
| | SEQ ID No. 879: | 5'- CGGCACTTGTTCTTCCCCGG |
| 25 | SEQ ID No. 880: | 5'- GTTCTTCCCCGGCAACAGAG |
| | SEQ ID No. 881: | 5'- GGCACTTGTTCTTCCCCGGC |
| | SEQ ID No. 882: | 5'- GCACTTGTTCTTCCCCGGCA |
| | SEQ ID No. 883: | 5'- CACTTGTTCTTCCCCGGCAA |
| | SEQ ID No. 884: | 5'-TCTTCCCCGGCAACAGAGTT |
| 30 | SEQ ID No. 885: | 5'-TTGTTCTTCCCCGGCAACAG |

- 51 -

| | SEQ ID No. 886: | 5 - ACTIGITUTICCCCGGCAAC |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 887: | 5'- TGTTCTTCCCCGGCAACAGA |
| | SEQ ID No. 888: | 5'- CTTGTTCTTCCCCGGCAACA |
| | SEQ ID No. 889: | 5'- ACGGCACTTGTTCTTCCCCG |
| 5 | SEQ ID No. 890: | 5'- GTCCGCCGCTAACCTTTTAA |
| | SEQ ID No. 891: | 5'- CTGGCCGGGTACCGTCAAGG |
| | SEQ ID No. 892: | 5'- TCTGGCCGGGTACCGTCAAG |
| | SEQ ID No. 893: | 5'- TTCTGGCCGGGTACCGTCAA |
| | SEQ ID No. 894: | 5'- CAATGCTGGCAACTAAGGTC |
| 10 | SEQ ID No. 895: | 5'- CGTCCGCCGCTAACCTTTTA |
| | SEQ ID No. 896: | 5'- CGAAGCCGCCTTTCCTTTTT |
| | SEQ ID No. 897: | 5'- CCGAAGCCGCCTTTCCTTTT |
| | SEQ ID No. 898: | 5'- GCCGAAGCCGCCTTTCCTTT |
| | SEQ ID No. 899: | 5'- AGCCGAAGCCGCCTTTCCTT |
| 15 | SEQ ID No. 900: | 5'- ACCGTCAAGGCGCCGCCCTG |
| | SEQ ID No. 901: | 5'- CCGTGGCTTTCTGGCCGGGT |
| | SEQ ID No. 902: | 5'- GCTTTCTGGCCGGGTACCGT |
| | SEQ ID No. 903: | 5'- GCCGTGGCTTTCTGGCCGGG |
| | SEQ ID No. 904: | 5'- GGCTTTCTGGCCGGGTACCG |
| 20 | SEQ ID No. 905: | 5'- CTTTCTGGCCGGGTACCGTC |
| | SEQ ID No. 906: | 5'- TGGCTTTCTGGCCGGGTACC |
| | SEQ ID No. 907: | 5'- GTGGCTTTCTGGCCGGGTAC |
| | SEQ ID No. 908: | 5'- CGTGGCTTTCTGGCCGGGTA |
| | SEQ ID No. 909: | 5'- TTTCTGGCCGGGTACCGTCA |
| 25 | SEQ ID No. 910: | 5'- GGGAAGGCCCTGTCTCCAGG |
| | SEQ ID No. 911: | 5'- CGAAGGGGAAGGCCCTGTCT |
| | SEQ ID No. 912: | 5'- CCGAAGGGGAAGGCCCTGTC |
| | SEQ ID No. 913: | 5'- GAAGGGGAAGGCCCTGTCTC |
| | SEQ ID No. 914: | 5'- GGCGCCGCCTGTTCGAACG |
| 30 | SEQ ID No. 915: | 5'- AGGCGCCCCCTGTTCGAAC |

| | SEQ ID No. 916: | 5'- AAGGCGCCCCTGTTCGAA |
|----|---|---|
| | SEQ ID No. 917: | 5'- CCCGGCAACAGAGTTTTACG |
| | SEQ ID No. 918: | 5'- CCCCGGCAACAGAGTTTTAC |
| | SEQ ID No. 919: | 5'- CCATCTGTAAGTGGCAGCCG |
| 5 | SEQ ID No. 920: | 5'- TCTGTAAGTGGCAGCCGAAG |
| | SEQ ID No. 921: | 5'- CTGTAAGTGGCAGCCGAAGC |
| | SEQ ID No. 922: | 5'- CCCATCTGTAAGTGGCAGCC |
| | SEQ ID No. 923: | 5'- TGTAAGTGGCAGCCGAAGCC |
| | SEQ ID No. 924: | 5'- CATCTGTAAGTGGCAGCCGA |
| 10 | SEQ ID No. 925: | 5'- ATCTGTAAGTGGCAGCCGAA |
| | SEQ ID No. 926: | 5'- CAGCCGAAGCCGCCTTTCCT |
| | SEQ ID No. 927: | 5'- GGCAACAGAGTTTTACGACC |
| | SEQ ID No. 928: | 5'- CCGGCAACAGAGTTTTACGA |
| | SEQ ID No. 929: | 5'- TTCCCCGGCAACAGAGTTTT |
| 15 | SEQ ID No. 930: | 5'- CTTCCCCGGCAACAGAGTTT |
| | SEQ ID No. 931: | 5'- TCCCCGGCAACAGAGTTTTA |
| | SEQ ID No. 932: | 5'- CCGTCCGCCGCTAACCTTTT |
| | Die Sequenzen SEO | ID No. 843 bis SEQ ID No. 932 sind vor allem zum Nachweis |
| 20 | | ms geeignet |
| | , 01. 240 | 8-4-8 |
| | f) Nukleinsäuresondenmoleküle, die spezifisch getränkeschädliche Alicyclobazillen | |
| | nachweisen: | = |
| | | |
| 25 | SEQ ID No. 933: | 5'- CTTCCTCCGACTTACGCCGG |
| | SEQ ID No. 934: | 5'- CCTCCGACTTACGCCGGCAG |
| | SEQ ID No. 935: | 5'- TTCCTCCGACTTACGCCGGC |
| | SEQ ID No. 936: | 5'- TCCTCCGACTTACGCCGGCA |
| | SEQ ID No. 937: | 5'- TCCGACTTACGCCGGCAGTC |

SEQ ID No. 938: 5'- CCGACTTACGCCGGCAGTCA

30

| | SEQ ID No. 939: | 5'- GCCTTCCTCCGACTTACGCC |
|----|-----------------|---------------------------|
| | SEQ ID No. 940: | 5'- CCTTCCTCCGACTTACGCCG |
| | SEQ ID No. 941: | 5'- GCTCTCCCCGAGCAACAGAG |
| | SEQ ID No. 942: | 5'- CTCTCCCCGAGCAACAGAGC |
| 5 | SEQ ID No. 943: | 5'- CGCTCTCCCCGAGCAACAGA |
| | SEQ ID No. 944: | 5'- CTCCGACTTACGCCGGCAGT |
| | SEQ ID No. 945: | 5'- TCTCCCCGAGCAACAGAGCT |
| | SEQ ID No. 946: | 5'- CGACTTACGCCGGCAGTCAC |
| | SEQ ID No. 947: | 5'- TCGGCACTGGGGTGTGTCCC |
| 10 | SEQ ID No. 948: | 5'- GGCACTGGGGTGTGTCCCCC |
| | SEQ ID No. 949: | 5'- CTGGGGTGTGTCCCCCAAC |
| | SEQ ID No. 950: | 5'- CACTGGGGTGTGTCCCCCA |
| | SEQ ID No. 951: | 5'- ACTGGGGTGTGTCCCCCAA |
| | SEQ ID No. 952: | 5'- GCACTGGGGTGTGTCCCCCC |
| 15 | SEQ ID No. 953: | 5'- TGGGGTGTGTCCCCCCAACA |
| | SEQ ID No. 954: | 5'- CACTCCAGACTTGCTCGACC |
| | SEQ ID No. 955: | 5'- TCACTCCAGACTTGCTCGAC |
| | SEQ ID No. 956: | 5'- CGGCACTGGGGTGTGTCCCC |
| | SEQ ID No. 957: | 5'- CGCCTTCCTCCGACTTACGC |
| 20 | SEQ ID No. 958: | _5'- CTCCCCGAGCAACAGAGCTT |
| | SEQ ID No. 959: | 5'- ACTCCAGACTTGCTCGACCG |
| | SEQ ID No. 960: | 5'- CCCATGCCGCTCTCCCCGAG |
| | SEQ ID No. 961: | 5'- CCATGCCGCTCTCCCCGAGC |
| | SEQ ID No. 962: | 5'- CCCCATGCCGCTCTCCCCGA |
| 25 | SEQ ID No. 963: | 5'- TCACTCGGTACCGTCTCGCA |
| | SEQ ID No. 964: | 5'- CATGCCGCTCTCCCCGAGCA |
| | SEQ ID No. 965: | 5'- ATGCCGCTCTCCCCGAGCAA |
| | SEQ ID No. 966: | 5'- TTCGGCACTGGGGTGTGTCC |
| | SEQ ID No. 967: | 5'- TGCCGCTCTCCCCGAGCAAC |
| 30 | SEQ ID No. 968: | 5'- TTCACTCCAGACTTGCTCGA |
| | | |

| | SEQ ID No. 969: | 5'- CCCGCAAGAAGATGCCTCCT |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 970: | 5'- AGAAGATGCCTCCTCGCGGG |
| | SEQ ID No. 971: | 5'- AAGAAGATGCCTCCTCGCGG |
| | SEQ ID No. 972: | 5'- CGCAAGAAGATGCCTCCTCG |
| 5 | SEQ ID No. 973: | 5'- AAGATGCCTCCTCGCGGGCG |
| | SEQ ID No. 974: | 5'- CCGCAAGAAGATGCCTCCTC |
| | SEQ ID No. 975: | 5'- GAAGATGCCTCCTCGCGGGC |
| | SEQ ID No. 976: | 5'- CCCCGCAAGAAGATGCCTCC |
| | SEQ ID No. 977: | 5'- CAAGAAGATGCCTCCTCGCG |
| 10 | SEQ ID No. 978: | 5'- TCCTTCGGCACTGGGGTGTG |
| | SEQ ID No. 979: | 5'- CCGCTCTCCCCGAGCAACAG |
| | SEQ ID No. 980: | 5'- TGCCTCCTCGCGGGCGTATC |
| | SEQ ID No. 981: | 5'- GACTTACGCCGGCAGTCACC |
| | SEQ ID No. 982: | 5'- GGCTCCTCTCTCAGCGGCCC |
| 15 | SEQ ID No. 983: | 5'- CCTTCGGCACTGGGGTGTGT |
| | SEQ ID No. 984: | 5'- GGGGTGTGTCCCCCCAACAC |
| | SEQ ID No. 985: | 5'- GCCGCTCTCCCCGAGCAACA |
| | SEQ ID No. 986: | 5'- AGATGCCTCCTCGCGGGCGT |
| | SEQ ID No. 987: | 5'- CACTCGGTACCGTCTCGCAT |
| 20 | SEQ ID No. 988: | 5'- CTCACTCGGTACCGTCTCGC |
| | SEQ ID No. 989: | 5'- GCAAGAAGATGCCTCCTCGC |
| | SEQ ID No. 990: | 5'- CTCCAGACTTGCTCGACCGC |
| | SEQ ID No. 991: | 5'- TTACGCCGGCAGTCACCTGT |
| | SEQ ID No. 992: | 5'- CTTCGGCACTGGGGTGTGTC |
| 25 | SEQ ID No. 993: | 5'- CTCGCGGGCGTATCCGGCAT |
| | SEQ ID No. 994: | 5'- GCCTCCTCGCGGGCGTATCC |
| | SEQ ID No. 995: | 5'- ACTCGGTACCGTCTCGCATG |
| | SEQ ID No. 996: | 5'- GATGCCTCCTCGCGGGCGTA |
| | SEQ ID No. 997: | 5'- GGGTGTGTCCCCCCAACACC |
| 30 | SEQ ID No. 998: | 5'- ACTTACGCCGGCAGTCACCT |
| | | |

| | SEQ ID No. 999: | 5'- CTTACGCCGGCAGTCACCTG |
|----|------------------|---------------------------|
| | SEQ ID No. 1000: | 5'- ATGCCTCCTCGCGGGCGTAT |
| | SEQ ID No. 1001: | 5'- GCGCCGCGGGCTCCTCTC |
| | SEQ ID No. 1002: | 5'- GGTGTGTCCCCCAACACCT |
| 5 | SEQ ID No. 1003: | 5'- GTGTGTCCCCCCAACACCTA |
| | SEQ ID No. 1004: | 5'- CCTCGCGGGCGTATCCGGCA |
| | SEQ ID No. 1005: | 5'- CCTCACTCGGTACCGTCTCG |
| | SEQ ID No. 1006: | 5'- TCCTCACTCGGTACCGTCTC |
| | SEQ ID No. 1007: | 5'-TCGCGGGCGTATCCGGCATT |
| 10 | SEQ ID No. 1008: | 5'- TTTCACTCCAGACTTGCTCG |
| | SEQ ID No. 1009: | 5'- TACGCCGGCAGTCACCTGTG |
| | SEQ ID No. 1010: | 5'- TCCAGACTTGCTCGACCGCC |
| | SEQ ID No. 1011: | 5'- CTCGGTACCGTCTCGCATGG |
| | SEQ ID No. 1012: | 5'- CGCGGGCGTATCCGGCATTA |
| 15 | SEQ ID No. 1013: | 5'- GCGTATCCGGCATTAGCGCC |
| | SEQ ID No. 1014: | 5'- GGGCTCCTCTCTCAGCGGCC |
| | SEQ ID No. 1015: | 5'- TCCCCGAGCAACAGAGCTTT |
| | SEQ ID No. 1016: | 5'- CCCCGAGCAACAGAGCTTTA |
| | SEQ ID No. 1017: | 5'- CCGAGCAACAGAGCTTTACA |
| 20 | SEQ ID No. 1018: | 5'- CCATCCCATGGTTGAGCCAT- |
| | SEQ ID No. 1019: | 5'- GTGTCCCCCAACACCTAGC |
| | SEQ ID No. 1020: | 5'- GCGGGCGTATCCGGCATTAG |
| | SEQ ID No. 1021: | 5'- CGAGCGGCTTTTTGGGTTTC |
| | SEQ ID No. 1022: | 5'- CTTTCACTCCAGACTTGCTC |
| 25 | SEQ ID No. 1023: | 5'-TTCCTTCGGCACTGGGGTGT |
| | SEQ ID No. 1024: | 5'- CCGCCTTCCTCCGACTTACG |
| | SEQ ID No. 1025: | 5'- CCCGCCTTCCTCCGACTTAC |
| | SEQ ID No. 1026: | 5'- CCTCCTCGCGGGCGTATCCG |
| | SEQ ID No. 1027: | 5'- TCCTCGCGGGCGTATCCGGC |
| | | |

30 SEQ ID No. 1028: 5'- CATTAGCGCCCGTTTCCGGG

- 56 -

SEQ ID No. 1029: 5'- GCATTAGCGCCCGTTTCCGG

SEQ ID No. 1030: 5'- GGCATTAGCGCCCGTTTCCG

SEQ ID No. 1031: 5'- GTCTCGCATGGGGCTTTCCA

SEQ ID No. 1032: 5'- GCCATGGACTTTCACTCCAG

5 SEQ ID No. 1033: 5'- CATGGACTTTCACTCCAGAC

Die Sequenzen SEQ ID No. 933 bis SEQ ID No. 1033 sind vor allem zum Nachweis von Bakterien der Gattung Alicyclobacillus geeignet.

10

30

SEQ ID No. 1045:

SEQ ID No. 1034: 5'- CCTTCCTCCGGCTTACGCCGGC SEQ ID No. 1035: 5'- CCTTCCTCCGACTTGCGCCGGC SEQ ID No. 1036: 5'- CCTTCCTCCGACTTTCACCGGC

Die Nukleinsäuresondenmoleküle gemäß SEQ ID No. 1034 bis SEQ ID No. 1036 werden als unmarkierte Kompetitorsonden für den Nachweis von Bakterien der Gattung Alicyclobacillus gemeinsam mit der Oligonukleotidsonde gemäß SEQ ID No. 933 eingesetzt, um das Binden der markierten, für Bakterien der Gattung Alicyclobacillus spezifischen Oligonukleotidsonde an Nukleinsäuresequenzen, die nicht spezifisch für Bakterien der Gattung Alicyclobacillus sind, zu verhindern.

5'- TCTCACAAGGAGCTTTCCAC

SEQ ID No. 1037: 5'- ACCGTCTCACAAGGAGCTTT SEQ ID No. 1038: 5'- TACCGTCTCACAAGGAGCTT 5'- GTACCGTCTCACAAGGAGCT SEQ ID No. 1039: 25 SEQ ID No. 1040: 5'- GCCTACCCGTGTATTATCCG SEQ ID No. 1041: 5'- CCGTCTCACAAGGAGCTTTC SEQ ID No. 1042: 5'- CTACCCGTGTATTATCCGGC SEQ ID No. 1043: 5'- GGTACCGTCTCACAAGGAGC SEQ ID No. 1044: 5'- CGTCTCACAAGGAGCTTTCC

| | SEQ ID No. 1046: | 5'- TACCCGTGTATTATCCGGCA |
|----|------------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 1047: | 5'- GTCTCACAAGGAGCTTTCCA |
| | SEQ ID No. 1048: | 5'- ACCCGTGTATTATCCGGCAT |
| | SEQ ID No. 1049: | 5'- CTCGGTACCGTCTCACAAGG |
| 5 | SEQ ID No. 1050: | 5'- CGGTACCGTCTCACAAGGAG |
| | SEQ ID No. 1051: | 5'- ACTCGGTACCGTCTCACAAG |
| | SEQ ID No. 1052: | 5'- CGGCTGGCTCCATAACGGTT |
| | SEQ ID No. 1053: | 5'- ACAAGTAGATGCCTACCCGT |
| | SEQ ID No. 1054: | 5'- TGGCTCCATAACGGTTACCT |
| 10 | SEQ ID No. 1055: | 5'- CAAGTAGATGCCTACCCGTG |
| | SEQ ID No. 1056: | 5'- CACAAGTAGATGCCTACCCG |
| | SEQ ID No. 1057: | 5'- GGCTCCATAACGGTTACCTC |
| | SEQ ID No. 1058: | 5'- ACACAAGTAGATGCCTACCC |
| | SEQ ID No. 1059: | 5'- CTGGCTCCATAACGGTTACC |
| 15 | SEQ ID No. 1060: | 5'- GCTGGCTCCATAACGGTTAC |
| | SEQ ID No. 1061: | 5'- GGCTGGCTCCATAACGGTTA |
| | SEQ ID No. 1062: | 5'- GCTCCATAACGGTTACCTCA |
| - | SEQ ID No. 1063: | 5'- AAGTAGATGCCTACCCGTGT |
| | SEQ ID No. 1064: | 5'- CTCCATAACGGTTACCTCAC |
| 20 | SEQ ID No. 1065: | 5'- TGCCTACCCGTGTATTATCC |
| | SEQ ID No. 1066: | 5'- TCGGTACCGTCTCACAAGGA |
| | SEQ ID No. 1067: | 5'- CTCACAAGGAGCTTTCCACT |
| | SEQ ID No. 1068: | 5'- GTAGATGCCTACCCGTGTAT |
| | SEQ ID No. 1069: | 5'- CCTACCCGTGTATTATCCGG |
| 25 | SEQ ID No. 1070: | 5'- CACTCGGTACCGTCTCACAA |
| | SEQ ID No. 1071: | 5'- CTCAGCGATGCAGTTGCATC |
| | SEQ ID No. 1072: | 5'- AGTAGATGCCTACCCGTGTA |
| | SEQ ID No. 1073: | 5'- GCGGCTGGCTCCATAACGGT |
| | SEQ ID No. 1074: | 5'- CCAAAGCAATCCCAAGGTTG |
| 30 | SEQ ID No. 1075: | 5'- TCCATAACGGTTACCTCACC |

- 58 -

| | SEQ ID No. 1076: | 5'- CCCGTGTATTATCCGGCATT |
|----|------------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 1077: | 5'- TCTCAGCGATGCAGTTGCAT |
| | SEQ ID No. 1078: | 5'- CCATAACGGTTACCTCACCG |
| | SEQ ID No. 1079: | 5'- TCAGCGATGCAGTTGCATCT |
| 5 | SEQ ID No. 1080: | 5'- GGCGGCTGGCTCCATAACGG |
| | SEQ ID No. 1081: | 5'- AAGCAATCCCAAGGTTGAGC |
| | SEQ ID No. 1082: | 5'- TCACTCGGTACCGTCTCACA |
| | SEQ ID No. 1083: | 5'- CCGAGTGTTATTCCAGTCTG |
| | SEQ ID No. 1084: | 5'- CACAAGGAGCTTTCCACTCT |
| 10 | SEQ ID No. 1085: | 5'- ACAAGGAGCTTTCCACTCTC |
| | SEQ ID No. 1086: | 5'- TCACAAGGAGCTTTCCACTC |
| | SEQ ID No. 1087: | 5'- CAGCGATGCAGTTGCATCTT |
| | SEQ ID No. 1088: | 5'- CAAGGAGCTTTCCACTCTCC |
| | SEQ ID No. 1089: | 5'- CCAGTCTGAAAGGCAGATTG |
| 15 | SEQ ID No. 1090: | 5'- CAGTCTGAAAGGCAGATTGC |
| | SEQ ID No. 1091: | 5'- CGGCGGCTGGCTCCATAACG |
| | SEQ ID No. 1092: | 5'- CCTCTCTCAGCGATGCAGTT |
| | SEQ ID No. 1093: | 5'- CTCTCTCAGCGATGCAGTTG |
| | SEQ ID No. 1094: | 5'- TCTCTCAGCGATGCAGTTGC |
| 20 | SEQ ID-No. 1095: | 5'CTCTCAGCGATGCAGTTGCA |
| | SEQ ID No. 1096: | 5'- CAATCCCAAGGTTGAGCCTT |
| | SEQ ID No. 1097: | 5'- AATCCCAAGGTTGAGCCTTG |
| | SEQ ID No. 1098: | 5'- AGCAATCCCAAGGTTGAGCC |
| | SEQ ID No. 1099: | 5'- CTCACTCGGTACCGTCTCAC |
| 25 | SEQ ID No. 1100: | 5'- GCAATCCCAAGGTTGAGCCT |
| | SEQ ID No. 1101: | 5'- GCCTTGGACTTTCACTTCAG |
| | SEQ ID No. 1102: | 5'- CATAACGGTTACCTCACCGA |
| | SEQ ID No. 1103: | 5'- CTCCTCTCAGCGATGCAG |
| | SEQ ID No. 1104: | 5'- TCGGCGGCTGGCTCCATAAC |
| 30 | SEQ ID No. 1105: | 5'- AGTCTGAAAGGCAGATTGCC |
| | | |

| | SEQ ID No. 1106: | 5'- TCCTCTCTCAGCGATGCAGT |
|----|--------------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 1107: | 5'- CCCAAGGTTGAGCCTTGGAC |
| | SEQ ID No. 1108: | 5'- ATAACGGTTACCTCACCGAC |
| | SEQ ID No. 1109: | 5'- TCCCAAGGTTGAGCCTTGGA |
| 5 | SEQ ID No. 1110: | 5'- ATTATCCGGCATTAGCACCC |
| | SEQ ID No. 1111: | 5'- CTACGTGCTGGTAACACAGA |
| | SEQ ID No. 1112: | 5'- GCCGCTAGCCCCGAAGGGCT |
| | SEQ ID No. 1113: | 5'- CTAGCCCCGAAGGGCTCGCT |
| | SEQ ID No. 1114: | 5'- CGCTAGCCCCGAAGGGCTCG |
| 10 | SEQ ID No. 1115: | 5'- AGCCCCGAAGGGCTCGCTCG |
| | SEQ ID No. 1116: | 5'- CCGCTAGCCCCGAAGGGCTC |
| | SEQ ID No. 1117: | 5'- TAGCCCCGAAGGGCTCGCTC |
| | SEQ ID No. 1118: | 5'- GCTAGCCCCGAAGGGCTCGC |
| | SEQ ID No. 1119: | 5'- GCCCCGAAGGGCTCGCTCGA |
| 15 | SEQ ID No. 1120: | 5'- ATCCCAAGGTTGAGCCTTGG |
| | SEQ ID No. 1121: | 5'- GAGCCTTGGACTTTCACTTC |
| | SEQ ID No. 1122: | 5'- CAAGGTTGAGCCTTGGACTT |
| | SEQ ID No. 1123: | 5'- GAGCTTTCCACTCTCCTTGT |
| | SEQ ID No. 1124: | 5'- CCAAGGTTGAGCCTTGGACT |
| 20 | SEQ ID No. 1125: - | 5'- CGGGCTCCTCTCAGCGAT |
| | SEQ ID No. 1126: | 5'- GGAGCTTTCCACTCTCCTTG |
| | SEQ ID No. 1127: | 5'- GGGCTCCTCTCTCAGCGATG |
| | SEQ ID No. 1128: | 5'- TCTCCTTGTCGCTCTCCCCG |
| | SEQ ID No. 1129: | 5'-TCCTTGTCGCTCTCCCGAG |
| 25 | SEQ ID No. 1130: | 5'- AGCTTTCCACTCTCCTTGTC |
| | SEQ ID No. 1131: | 5'- CCACTCTCCTTGTCGCTCTC |
| | SEQ ID No. 1132: | 5'- GGCTCCTCTCAGCGATGC |
| | SEQ ID No. 1133: | 5'- CCTTGTCGCTCTCCCCGAGC |
| | SEQ ID No. 1134: | 5'- CACTCTCCTTGTCGCTCTCC |
| 30 | SEQ ID No. 1135: | 5'- ACTCTCCTTGTCGCTCTCCC |

- 60 -

SEQ ID No. 1136: 5'- CTCTCCTTGTCGCTCTCCCC

SEQ ID No. 1137: 5'- GCGGGCTCCTCTCAGCGA

SEQ ID No. 1138: 5'- GGCTCCATCATGGTTACCTC

5 Die Sequenzen SEQ ID No. 1037 bis SEQ ID No. 1138 sind vor allem zum Nachweis von *Alicyclobacillus acidoterrestris* geeignet.

SEQ ID No. 1139: 5'- CCGTCTCCTAAGGAGCTTTCCA

10 Das Nukleinsäuresondenmolekül gemäß SEQ ID No. 1139 wird als unmarkierte Kompetitorsonde für den Nachweis von Alicyclobacillus acidoterrestris gemeinsam mit der Oligonukleotidsonde gemäß SEQ ID No. 1044 eingesetzt, um das Binden der markierten, für Alicyclobacillus acidoterrestris spezifischen Oligonukleotidsonde an Nukleinsäuresequenzen, die nicht spezifisch für Alicyclobacillus acidoterrestris sind,

15 zu verhindern.

SEQ ID No. 1140: 5'- TCCCTCCTTAACGGTTACCTCA

SEQ ID No. 1141: 5'- TGGCTCCATAA(A/T)GGTTACCTCA

20 Die Nukleinsäuresondenmoleküle-gemäß SEQ ID-No. 1140 bis SEQ ID No. 1141 werden als unmarkierte Kompetitorsonden für den Nachweis von Alicyclobacillus acidoterrestris gemeinsam mit der Oligonukleotidsonde gemäß SEQ ID No. 1057 eingesetzt, um das Binden der markierten, für Alicyclobacillus acidoterrestris spezifischen Oligonukleotidsonde an Nukleinsäuresequenzen, die nicht spezifisch für

25 Alicyclobacillus acidoterrestris sind, zu verhindern.

SEQ ID No. 1142: 5'- CTTCCTCCGGCTTGCGCCGG

SEQ ID No. 1143: 5'- CGCTCTTCCCGA(G/T)TGACTGA

SEQ ID No. 1144: 5'- CCTCGGGCTCCTCCATC(A/T)GC

Die Sequenzen SEQ ID No. 1142 bis SEQ ID No. 1144 sind vor allem zum gleichzeitigen Nachweis von *Alicyclobacillus cycloheptanicus* und *A. herbarius* geeignet.

Gegenstand der Erfindung sind auch Abwandlungen der obigen Oligonukleotidsequenzen, die trotz der Abweichungen in der Sequenz und/oder Länge eine spezifische Hybridisierung mit Ziel-Nukleinsäuresequenzen des jeweiligen Mikroorganismus zeigen und sich dadurch für den Einsatz des erfindungsgemäßen Verfahrens eignen und einen spezifischen Nachweis des jeweiligen Mikroorganismus gewährleisten. Hierunter fallen insbesondere

15

20

25

30

a) Nukleinsäuremoleküle, die (i) mit einer der obigen Oligonukleotidsequenzen (SEQ ID No. 1, 5 bis 146, 148 bis 154, 157 bis 160, 163 bis 1033, 1037 bis 1138, 1142 bis 1144) in mindestens 80 %, bevorzugt in mindestens 90 % und besonders bevorzugt in mindestens 92 %, 94 %, 96 % der Basen übereinstimmen, oder die (ii) sich von obigen Oligonukleotidsequenzen durch eine oder mehrere Deletionen und/oder Additionen unterscheiden und eine spezifische Hybridisierung mit Nukleinsäuresequenzen von getränkeschädlichen Hefen der Gattungen Zygosaccharomyces, Hanseniaspora, Candida, Brettanomyces, Dekkera, Pichia, Saccharomyces und Saccharomycodes, insbesondere der Spezies Zygosaccharomyces bailii, Z. mellis, Z. rouxii, Z. bisporus, Z. fermentati, Z. microellipsoides, Hanseniaspora uvarum, Candida intermedia, C. crusei (Issatchenkia orientalis), C. parapsilosis, Brettanomyces bruxellensis, B. naardenensis, Dekkera anomala, Pichia membranaefaciens, P. minuta, P. anomala, Saccharomyces exiguus, S. cerevisiae, Saccharomycodes ludwigii oder von getränkeschädlichen Schimmelpilzen der Gattungen Mucor, Byssochlamys, Neosartorya, Aspergillus und Talaromyces, insbesondere der Spezies Mucor racemosus, Byssochlamys nivėa, Neosartorya fischeri, Aspergillus fumigatus und A. fischeri, Talaromyces flavus, T. bacillisporus und T. flavus oder von getränkeschädlichen Bakterien der Gattungen Lactobacillus, Leuconostoc,

15

20

Oenococcus, Weissella, Lactococcus, Acetobacter, Gluconobacter,
Gluconoacetobacter, Bacillus und Alicyclobacillus, insbesondere der Spezies

Lactobacillus collinoides, Leuconostoc mesenteroides, L.

pseudomesenteroides, Oenococcus oeni, Bacillus coagulans, Alicyclobacillus

ssp., A. acidoterrestris, A. cycloheptanicus und A. herbarius ermöglichen.

Dabei bedeutet "spezifische Hybridisierung", dass unter den hier

beschriebenen oder dem Durchschnittsfachmann im Zusammenhang mit in

situ-Hybridisierungstechniken bekannten stringenten

Hybridisierungsbedingungen nur die ribosomale RNA der Ziel-Organismen,

nicht aber die rRNA von Nicht-Ziel-Organismen an das Oligonukleotid

bindet.

- b) Nukleinsäuremoleküle, die mit einer zu den unter a) genannten Nukleinsäuremolekülen oder einer zu den Sonden SEQ ID No. 1, 5 bis 146, 148 bis 154, 157 bis 160, 163 bis 1033, 1037 bis 1138, 1142 bis 1144 komplementären Sequenz unter stringenten Bedingungen (s.u.) hybridisieren.
- c) Nukleinsäuremoleküle, die eine Oligonukleotidsequenz von SEQ ID No. 1, 5 bis 146, 148 bis 154, 157 bis 160, 163 bis 1033, 1037 bis 1138, 1142 bis 1144 oder die Sequenz eines Nukleinsäuremoleküls nach a) oder b) umfassen und zusätzlich zu den genannten Sequenzen bzw. deren Abwandlungen nach a) oder b) mindestens ein weiteres Nukleotid aufweisen und eine spezifische Hybridisierung mit Nukleinsäuresequenzen von Ziel-Organismen ermöglichen.

Ebenso sind Gegenstand der Erfindung Abwandlungen der obigen

Kompetitorsondensequenzen, die trotz der Abweichungen in der Sequenz und/oder

Länge eine spezifische Hybridisierung mit Nukleinsäuresequenzen von nicht

nachzuweisenden Mikroorganismengattungen bzw. -spezies gewährleisten und

dadurch das Binden der Oligonukleotidsonde an die Nukleinsäuresequenzen der

nicht nachzuweisenden Mikroorganismengattungen bzw. -spezies verhindern. Sie

eignen sich für den Einsatz des erfindungsgemäßen Verfahrens und gewährleisten

einen spezifischen Nachweis des jeweiligen Mikroorganismus. Hierunter fallen insbesondere

5

10

- a) Nukleinsäuremoleküle, die (i) mit einer der obigen Oligonukleotidsequenzen (SEQ ID No. 2 bis 4, 147, 155 bis 156, 161 bis 162, 1034 bis 1036, 1139 bis 1141) in mindestens 80 %, bevorzugt in mindestens 90 % und besonders bevorzugt in mindestens 92 %, 94 %, 96 % der Basen übereinstimmen, oder die (ii) sich von obigen Oligonukleotidsequenzen durch eine oder mehrere Deletionen und/oder Additionen unterscheiden und das Binden einer spezifischen Oligonukleotidsonde an die Nukleinsäuresequenz eines nicht nachzuweisenden Mikroorganismus verhindern.
- b) Nukleinsäuremoleküle, die mit einer zu den unter a) genannten Nukleinsäuremolekülen oder einer zu den Sonden SEQ ID No. 2 bis 4, 147, 155 bis 156, 161 bis 162, 1034 bis 1036, 1139 bis 1141 komplementären Sequenz unter stringenten Bedingungen (s.u.) hybridisieren.
- c) Nukleinsäuremoleküle, die eine Oligonukleotidsequenz von SEQ ID No. 2 bis 4, 147, 155 bis 156, 161 bis 162, 1034 bis 1036, 1139 bis 1141 oder die Sequenz eines Nukleinsäuremoleküls nach a) oder b) umfassen und zusätzlich zu den genannten Sequenzen bzw. deren Abwandlungen nach a) oder b) mindestens ein weiteres Nukleotid aufweisen und das Binden einer spezifischen Oligonukleotidsonde an die Nukleinsäuresequenz eines nicht nachzuweisenden Mikroorganismus verhindern.
- Der Grad der Sequenzidentität eines Nukleinsäuresondenmoleküls mit den Oligonukleotidsonden mit der SEQ ID No. 1 bis SEQ ID No. 1144 kann mit üblichen Algorithmen bestimmt werden. Geeignet ist hierzu beispielsweise das Programm zur Bestimmung der Sequenzidentität, das unter http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST (auf dieser Seite z.B. der Link "Standard nucleotide-nucleotide BLAST [blastn]") zugänglich ist.

- 64 -

"Hybridisieren" kann im Rahmen dieser Erfindung gleichbedeutend sein mit "komplementär". Im Rahmen dieser Erfindung sind auch solche Oligonukleotide umfasst, die mit dem (theoretischen) Gegenstrang eines erfindungsgemäßen Oligonukleotids, einschließlich der erfindungsgemäßen Abwandlungen der SEQ ID No. 1 bis SEQ ID No. 1144, hybridisieren.

Der Begriff "stringente Bedingungen" steht allgemein für Bedingungen, unter denen eine Nukleinsäuresequenz präferenziell an ihre Zielsequenz hybridisieren wird, und zu einem deutlich geringeren Ausmaß oder gar nicht an andere Sequenzen.

- Stringente Bedingungen sind z.T. Sequenz-abhängig und werden unter verschiedenen Umständen unterschiedlich sein. Längere Sequenzen hybridisieren spezifisch bei höheren Temperaturen. Im Allgemeinen werden stringente Bedingungen so ausgewählt, dass die Temperatur etwa 5°C unter dem thermischen Schmelzpunkt (T_m) für die spezifische Sequenz bei einer definierten Ionenstärke und einem definierten pH liegt. Die T_m ist die Temperatur (unter definierter Ionenstärke, pH und Nukleinsäurekonzentration), bei der 50 % der zu der Zielsequenz komplementären Moleküle zu der Zielsequenz im Gleichgewichtszustand hybridisieren.
- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäuresondenmoleküle können im Rahmen des Nachweisverfahrens mit verschiedenen Hybridisierungslösungen eingesetzt werden. Verschiedene organische Lösungsmittel können hierbei in Konzentrationen von 0 % bis 80 % eingesetzt werden. Durch das Einhalten von stringenten Hybridisierungsbedingungen wird gewährleistet, dass das
- Nukleinsäuresondenmolekül auch tatsächlich mit der Zielsequenz hybridisiert.

 Moderate Bedingungen im Sinne der Erfindung sind z.B. 0 % Formamid in einem Hybridisierungspuffer wie er nachfolgend beschrieben ist. Stringente Bedingungen im Sinne der Erfindung sind beispielsweise 20 % bis 80 % Formamid im Hybridisierungspuffer.

5

Im Rahmen des erfindungsgemäßen Verfahrens zum spezifischen Nachweis von Hefen der Gattungen Zygosaccharomyces, Hanseniaspora, Candida, Brettanomyces, Dekkera, Pichia, Saccharomyces und Saccharomycodes, insbesondere der Spezies Zygosaccharomyces bailii, Z. mellis, Z. rouxii, Z. bisporus, Z. fermentati, Z. 5 microellipsoides, Hanseniaspora uvarum, Candida intermedia, C. crusei (Issatchenkia orientalis), C. parapsilosis, Brettanomyces bruxellensis, B. naardenensis, Dekkera anomala, Pichia membranaefaciens, P. minuta, P. anomala, Saccharomyces exiguus, S. cerevisiae, Saccharomycodes ludwigii enthält eine typische Hybridisierungslösung 0 % bis 80 % Formamid, bevorzugt 20 % bis 60 % Formamid, besonders bevorzugt 40 % Formamid. Sie hat außerdem eine 10 Salzkonzentration von 0,1 Mol/l bis 1,5 Mol/l, bevorzugt von 0,7 Mol/l bis 1,0 Mol/l, besonders bevorzugt von 0,9 Mol/l, wobei es sich bei dem Salz vorzugsweise um Natriumchlorid handelt. Weiter umfasst die Hybridisierungslösung üblicherweise ein Detergens, wie z.B. Natriumdodecylsulfat (SDS), in einer Konzentration von 0,001 % bis 0,2 %, vorzugsweise in einer Konzentration von 0,005 % bis 0,05 %, 15 besonders bevorzugt in einer Konzentration von 0,01 %. Zum Puffern der Hybridisierungslösung können verschiedene Verbindungen wie Tris-HCl, Natrium-Citrat, PIPES oder HEPES verwendet werden, die üblicherweise in Konzentrationen von 0,01 Mol/l bis 0,1 Mol/l eingesetzt werden, bevorzugt von 0,01 Mol/l bis 0,05 Mol/l, in einem pH-Wert-Bereich von 6,0 bis 9,0, bevorzugt 7,0 bis 8,0. Die 20 besonders bevorzugte erfindungsgemäße Ausführung der Hybridisierungslösung beinhaltet 0,02 Mol/l Tris-HCl, pH 8,0.

Im Rahmen des erfindungsgemäßen Verfahrens zum spezifischen Nachweis von

Schimmelpilzen der Gattungen Mucor, Byssochlamys, Neosartorya, Aspergillus und
Talaromyces, insbesondere der Spezies Mucor racemosus, Byssochlamys nivea,
Neosartorya fischeri, Aspergillus fumigatus und A. fischeri, Talaromyces flavus, T.
bacillisporus und T. flavus enthält eine typische Hybridisierungslösung 0 % bis 80 %
Formamid, bevorzugt 10 % bis 60 % Formamid, besonders bevorzugt 20 %

Formamid. Sie hat außerdem eine Salzkonzentration von 0,1 Mol/l bis 1,5 Mol/l,

bevorzugt von 0,7 Mol/l bis 1,0 Mol/l, besonders bevorzugt von 0,9 Mol/l, wobei es sich bei dem Salz vorzugsweise um Natriumchlorid handelt. Weiter umfasst die Hybridisierungslösung üblicherweise ein Detergens, wie z.B. Natriumdodecylsulfat (SDS), in einer Konzentration von 0,001 % bis 0,2 %, vorzugsweise in einer Konzentration von 0,005 % bis 0,05 %, besonders bevorzugt in einer Konzentration von 0,01 %. Zum Puffern der Hybridisierungslösung können verschiedene Verbindungen wie Tris-HCl, Natrium-Citrat, PIPES oder HEPES verwendet werden, die üblicherweise in Konzentrationen von 0,01 Mol/l bis 0,1 Mol/l eingesetzt werden, bevorzugt von 0,01 Mol/l bis 0,05 Mol/l, in einem pH-Wert-Bereich von 6,0 bis 9,0, bevorzugt 7,0 bis 8,0. Die besonders bevorzugte erfindungsgemäße Ausführung der Hybridisierungslösung beinhaltet 0,02 Mol/l Tris-HCl, pH 8,0.

10

Im Rahmen des erfindungsgemäßen Verfahrens zum spezifischen Nachweis von Bakterien der Gattungen Lactobacillus, Leuconostoc, Oenococcus, Weissella, Lactococcus, Acetobacter, Gluconobacter, Gluconoacetobacter, Bacillus und 15 Alicyclobacillus, insbesondere der Spezies Lactobacillus collinoides, Leuconostoc mesenteroides, L. pseudomesenteroides, Oenococcus oeni, Bacillus coagulans, Alicyclobacillus ssp., A. acidoterrestris, A. cycloheptanicus und A. herbarius enthält eine typische Hybridisierungslösung 0 % bis 80 % Formamid, bevorzugt 10 % bis 60 % Formamid, besonders bevorzugt 20 % Formamid. Sie hat-außerdem eine 20 Salzkonzentration von 0,1 Mol/l bis 1,5 Mol/l, bevorzugt von 0,7 Mol/l bis 1,0 Mol/l, besonders bevorzugt von 0,9 Mol/l, wobei es sich bei dem Salz vorzugsweise um Natriumchlorid handelt. Weiter umfasst die Hybridisierungslösung üblicherweise ein Detergens, wie z.B. Natriumdodecylsulfat (SDS), in einer Konzentration von 0,001 % bis 0,2 %, vorzugsweise in einer Konzentration von 0,005 % bis 0,05 %, 25 besonders bevorzugt in einer Konzentration von 0,01 %. Zum Puffern der Hybridisierungslösung können verschiedene Verbindungen wie Tris-HCl, Natrium-Citrat, PIPES oder HEPES verwendet werden, die üblicherweise in Konzentrationen von 0,01 Mol/l bis 0,1 Mol/l eingesetzt werden, bevorzugt von 0,01 Mol/l bis 0,05 Mol/l, in einem pH-Wert-Bereich von 6,0 bis 9,0, bevorzugt 7,0 bis 8,0. Die 30

besonders bevorzugte erfindungsgemäße Ausführung der Hybridisierungslösung beinhaltet 0,02 Mol/l Tris-HCl, pH 8,0.

Es versteht sich, dass der Fachmann die angegebenen Konzentrationen der

Bestandteile des Hybridisierungspuffers derart auswählen kann, dass die gewünschte Stringenz der Hybridisierungsreaktion erzielt wird. Besonders bevorzugte Ausführungsformen geben stringente bis besonders stringente Hybridisierungsbedingungen wieder. Unter Einsatz dieser stringenten Bedingungen kann der Fachmann feststellen, ob ein bestimmtes Nukleinsäuremolekül einen spezifischen Nachweis von Nukleinsäuresequenzen von Ziel-Organismen ermöglicht und somit im Rahmen der Erfindung zuverlässig eingesetzt werden kann.

Die Konzentration der Nukleinsäuresonde im Hybridisierungspuffer ist abhängig von der Art ihrer Markierung und der Anzahl der Zielstrukturen. Um eine schnelle und effiziente Hybridisierung zu ermöglichen, sollte die Anzahl der Nukleinsäuresondenmoleküle die Anzahl der Zielstrukturen um mehrere Größenordnungen überschreiten. Allerdings ist bei der Fluoreszenz in situ-Hybridisierung (FISH) darauf zu achten, dass eine zu hohe Menge an fluoreszenzmarkierten Nukleinsäuresondenmolekülen zu erhöhter

Hintergrundfluoreszenz führt. Die Konzentration der Nukleinsäuresondenmoleküle sollte deshalb in einem Bereich zwischen 0,5 bis 500 ng/µl liegen. Die im Rahmen der erfindungsgemäßen Verfahren bevorzugte Konzentration beträgt 1 bis 10 ng jedes verwendeten Nukleinsäuresondenmoleküls pro µl Hybridisierungslösung. Das verwendete Volumen der Hybridisierungslösung sollte zwischen 8 µl und 100 ml

liegen, bei einer besonders bevorzugten Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahren beträgt es 30 μ l.

Die Konzentration der Kompetitorsonde im Hybridisierungspuffer ist abhängig von der Anzahl der Zielstrukturen. Um eine schnelle und effiziente Hybridisierung zu ermöglichen, sollte die Anzahl der Kompetitorsondenmoleküle die Anzahl der

30

Zielstrukturen um mehrere Größenordnungen überschreiten. Die Konzentration der Kompetitorsondenmoleküle sollte deshalb in einem Bereich zwischen 0,5 bis 500 ng/µl liegen. Die im Rahmen der erfindungsgemäßen Verfahren bevorzugte Konzentration beträgt 1 bis 10 ng jedes verwendeten Kompetitorsondenmoleküls pro µl Hybridisierungslösung. Das verwendete Volumen der Hybridisierungslösung sollte zwischen 8 µl und 100 ml liegen, bei einer besonders bevorzugten Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahren beträgt es 30 µl.

5

20

25

Die Dauer der Hybridisierung beträgt üblicherweise zwischen 10 Minuten und 12

Stunden; bevorzugt erfolgt die Hybridisierung für etwa 1,5 Stunden. Die Hybridisierungstemperatur beträgt bevorzugt zwischen 44 °C und 48 °C, besonders bevorzugt 46 °C, wobei der Parameter der Hybridisierungstemperatur, wie auch die Konzentration an Salzen und Detergenzien in der Hybridisierungslösung in Abhängigkeit von den Nukleinsäuresonden, insbesondere deren Längen und dem

Grad der Komplementarität zur Zielsequenz in der nachzuweisenden Zelle optimiert werden kann. Der Fachmann ist mit einschlägigen Berechnungen hierzu vertraut.

Nach erfolgter Hybridisierung sollten die nicht hybridisierten und überschüssigen Nukleinsäuresondenmoleküle entfernt bzw. abgewaschen werden, was üblicherweise mittels einer herkömmlichen Waschlösung-erfolgt. Diese Waschlösung kann, falls gewünscht, 0,001 % bis 0,1 % eines Detergens wie SDS, bevorzugt 0,005 % bis 0,05 %, besonders bevorzugt 0,01 %, sowie Tris-HCl in einer Konzentration von 0,001 Mol/l bis 0,1 Mol/l, bevorzugt 0,01 Mol/l bis 0,05 Mol/l, besonders bevorzugt 0,02 Mol/l enthalten, wobei der pH-Wert von Tris-HCl im Bereich von 6,0 bis 9,0, vorzugsweise bei 7,0 bis 8,0, besonders bevorzugt bei 8,0 liegt. Ein Detergens kann enthalten sein, ist aber nicht zwingend erforderlich. Weiter enthält die Waschlösung üblicherweise NaCl, wobei die Konzentration je nach benötigter Stringenz von 0,003 Mol/l bis 0,9 Mol/l, bevorzugt von 0,01 Mol/l bis 0,9 Mol/l, beträgt. Des weiteren kann die Waschlösung EDTA enthalten, wobei die Konzentration vorzugsweise

0,005 Mol/l beträgt. Ferner kann die Waschlösung auch dem Fachmann geläufige Konservierungsmittel in geeigneten Mengen enthalten.

Allgemein kommen bei dem Waschschritt Pufferlösungen zum Einsatz, die prinzipiell sehr ähnlich aussehen können wie die Hybridisierungspuffer (gepufferte Natriumchloridlösung), nur dass der Waschschritt in der Regel in einem Puffer mit niedrigerer Salzkonzentration bzw. bei höherer Temperatur durchgeführt wird. Zur theoretischen Abschätzung der Hybridisierungsbedingungen kann folgende Formel verwendet werden:

10

5

$$Td = 81,5 + 16,6 lg[Na+] + 0,4 x (% GC) - 820/n - 0,5 x (% FA)$$

Td = Dissoziationstemperatur in °C

[Na+] = Molarität der Natriumionen

15 % GC = Anteil der Guanin- und Cytosinnukleotide an der Anzahl der Basen

n = Länge des Hybrids

%FA = Formamidgehalt

Mit Hilfe dieser Formel kann z.B. der Formamidanteil (der wegen der Toxizität des Formamids möglichst gering sein sollte) des Waschpuffers durch einen entsprechend niedrigeren Natriumchloridgehalt ersetzt werden. Allerdings ist dem Fachmann aus der umfangreichen Literatur zu in situ-Hybridisierungsmethoden bekannt, dass und auf welche Weise die genannten Bestandteile variiert werden können. Bezüglich der Stringenz der Hybridisierungsbedingungen gilt das oben im Zusammenhang mit dem Hybridisierungspuffer Gesagte.

Das "Abwaschen" der nicht gebundenen Nukleinsäuresondenmoleküle erfolgt üblicherweise bei einer Temperatur im Bereich von 44 °C bis 52 °C, bevorzugt von 44 °C bis 50 °C und besonders bevorzugt bei 46 °C für eine Dauer von 10 bis 40

30 Minuten, vorzugsweise für 15 Minuten.

Die spezifisch hybridisierten Nukleinsäuresondenmoleküle können anschließend in den jeweiligen Zellen detektiert werden. Voraussetzung hierfür ist, dass das Nukleinsäuresondenmolekül nachweisbar ist, z.B. dadurch dass das 5 Nukleinsäuresondenmolekül durch kovalente Bindung mit einem Marker verknüpft ist. Als detektierbare Marker werden z.B. fluoreszierende Gruppen wie z.B. CY2 (erhältlich von Amersham Life Sciences, Inc., Arlington Heights, USA), CY3 (ebenfalls erhältlich von Amersham Life Sciences), CY5 (ebenfalls zu beziehen von Amersham Life Sciences), FITC (Molecular Probes Inc., Eugene, USA), FLUOS 10 (erhältlich von Roche Diagnostics GmbH, Mannheim, Deutschland), TRITC (erhältlich von Molecular Probes Inc. Eugene, USA), 6-FAM oder FLUOS-PRIME verwendet, die dem Fachmann alle wohlbekannt sind. Auch chemische Marker, radioaktive Marker oder enzymatische Marker wie Meerrettich-Peroxidase, saure Phosphatase, alkalische Phosphatase und Peroxidase können verwendet werden. Für 15 jedes dieser Enzyme ist eine Reihe von Chromogenen bekannt, die anstelle des natürlichen Substrates umgesetzt werden können und entweder zu farbigen oder zu fluoreszierenden Produkten umgesetzt werden können. Beispiele für solche Chromogene sind in der nachfolgenden Tabelle angegeben:

- 20

Tabelle

Enzyme

Chromogen

25 1. Alkalische Phosphatase und saure Phosphatase

4-Methylumbelliferylphosphat (*),
Bis(4-Methylumbelliferylphosphat), (*) 3-OMethylfluoreszein, Flavon-3Diphosphattriammoniumsalz (*),
p-Nitrophenylphosphatdinatriumsalz

| | 2. Peroxidase | Tyraminhydrochlorid (*), 3-(p-Hydroxyphenyl)- |
|----|---|---|
| | | Propionsäure (*), p-Hydroxy- |
| | | phenethylalkohol(*), |
| • | | 2,2'-Azino-di-3-ethylbenzthiazolinsulfonsäure |
| 5 | موسيدين والمائد | (ABTS), ortho-Phenylendiamindihydrochlorid, |
| | | o-Dianisidin, 5-Aminosalicylsäure, |
| | | p-Ucresol (*), |
| | | 3,3'-dimethyloxybenzidin, 3-Methyl-2- |
| | | benzothiazolinhydrazon, Tetramethylbenzidin |
| 10 | 3. Meerrettichperoxidase | H_2O_2 + Diammoniumbenzidin |
| | | H ₂ O ₂ + Tetramethylbenzidin |
| | 4. β-D-Galaktosidase | o-Nitrophenyl-β-D-galaktopyranosid, |
| | | 4-Methylumbelliferyl-β-D-galaktosid |
| | 5. Glukoseoxidase | ABTS, Glukose und Thiazolylblau |
| 15 | | • |
| | *Fluoreszenz | |

Schließlich ist es möglich, die Nukleinsäuresondenmoleküle so zu gestalten, dass an ihrem 5'- oder 3'-Ende eine weitere zur Hybridisierung geeigneteNukleinsäuresequenz vorhanden ist. Diese Nukleinsäuresequenz umfasst wiederum ca. 15 bis 100, bevorzugt 15 bis 50 Nukleotide. Dieser zweite Nukleinsäurebereich kann wiederum von einem Nukleinsäuresondenmolekül erkannt werden, welches durch eines der oben erwähnten Mittel nachweisbar ist.

25

30

Eine weitere Möglichkeit besteht in der Kopplung der nachweisbaren Nukleinsäuresondenmoleküle mit einem Hapten, das anschließend mit einem das Hapten erkennenden Antikörper in Kontakt gebracht werden kann. Als Beispiel für solch ein Hapten kann Digoxigenin angeführt werden. Dem Fachmann sind über die angegebenen Beispiele hinaus noch weitere wohlbekannt.

Die abschließende Auswertung ist in Abhängigkeit von der Art der Markierung der verwendeten Sonde mit einem Lichtmikroskop, Epifluoreszenzmikroskop, Chemoluminometer, Fluorometer u.a. möglich.

5

Ein wichtiger Vorteil der in dieser Anmeldung beschriebenen Verfahren zum spezifischen Nachweis von getränkeschädlichen Hefen der Gattungen Zygosaccharomyces, Hanseniaspora, Candida, Brettanomyces, Dekkera, Pichia, Saccharomyces und Saccharomycodes, insbesondere der Spezies

- Zygosaccharomyces bailii, Z. mellis, Z. rouxii, Z. bisporus, Z. fermentati, Z. microellipsoides, Hanseniaspora uvarum, Candida intermedia, C. crusei (Issatchenkia orientalis), C. parapsilosis, Brettanomyces bruxellensis, B. naardenensis, Dekkera anomala, Pichia membranaefaciens, P. minuta, P. anomala, Saccharomyces exiguus, S. cerevisiae, Saccharomycodes ludwigii oder zum
- spezifischen Nachweis von getränkeschädlichen Schimmelpilzen der Gattungen Mucor, Byssochlamys, Neosartorya, Aspergillus und Talaromyces, insbesondere der Spezies Mucor racemosus, Byssochlamys nivea, Neosartorya fischeri, Aspergillus fumigatus und A. fischeri, Talaromyces flavus, T. bacillisporus und T. flavus oder zum spezifischen Nachweis von getränkeschädlichen Bakterien der Gattungen
- 20 Lactobacillus, Leuconostoc, Oenococcus, Weissella, Lactococcus, Acetobacter, Gluconobacter, Gluconoacetobacter, Bacillus und Alicyclobacillus, insbesondere der Spezies Lactobacillus collinoides, Leuconostoc mesenteroides, L. pseudomesenteroides, Oenococcus oeni, Bacillus coagulans, Alicyclobacillus ssp., A. acidoterrestris, A. cycloheptanicus und A. herbarius gegenüber den weiter oben
- 25 beschriebenen Nachweismethoden ist die außergewöhnliche Schnelligkeit. Im Vergleich zu herkömmlichen Kultivierungsverfahren, die bis zu zehn Tage benötigen, liegt das Ergebnis bei Anwendung der erfindungsgemäßen Verfahren innerhalb von 24 bis 48 Stunden vor.

Ein weiterer Vorteil liegt in der Befähigung, eine genaue Unterscheidung der nachzuweisenden, getränkerelevanten Mikroorganismen vorzunehmen. Mit bislang geläufigen Verfahren wurde beim Nachweis keine Differenzierung der Mikroorganismen bis auf Gattungs- und/oder Artebene vorgenommen, da die Differenzierung entweder gar nicht möglich oder zu zeitaufwendig war.

5

Ein weiterer Vorteil liegt in der Spezifität dieser Verfahren. Durch die verwendeten Nukleinsäuresondenmoleküle können hochspezifisch getränkeschädliche Hefen der Gattungen Zygosaccharomyces, Hanseniaspora, Candida, Brettanomyces, Dekkera, 10 Pichia, Saccharomyces und Saccharomycodes, insbesondere der Spezies Zygosaccharomyces bailii, Z. mellis, Z. rouxii, Z. bisporus, Z. fermentati, Z. microellipsoides, Hanseniaspora uvarum, Candida intermedia, C. crusei (Issatchenkia orientalis), C. parapsilosis, Brettanomyces bruxellensis, B. naardensis, Dekkera anomala, Pichia membranaefaciens, P. minuta, P. anomala, 15 Saccharomyces exiguus, S. cerevisiae, Saccharomycodes ludwigii oder getränkeschädliche Schimmelpilzen der Gattungen Mucor, Byssochlamys, Neosartorya, Aspergillus und Talaromyces, insbesondere der Spezies Mucor racemosus, Byssochlamys nivea, Neosartorya fischeri, Aspergillus fumigatus und A. fischeri, Talaromyces flavus, T. bacillisporus und T. flavus oder getränkeschädliche 20 Bakterien der Gattungen Lactobacillus, Leuconostoc, Oenococcus, Weissella; Lactococcus, Acetobacter, Gluconobacter, Gluconoacetobacter, Bacillus und Alicyclobacillus, insbesondere der Spezies Lactobacillus collinoides, Leuconostoc mesenteroides, L. pseudomesenteroides, Oenococcus oeni, Bacillus coagulans, Alicyclobacillus ssp., A. acidoterrestris, A. cycloheptanicus und A. herbarius

25 nachgewiesen werden. Durch die Visualisierung der Mikroorganismen kann eine gleichzeitige visuelle Kontrolle stattfinden. Falsch positive Ergebnisse, wie sie häufig bei der Polymerase-Ketten-Reaktion auftreten, sind somit ausgeschlossen.

- 74 -

Ein weiterer Vorteil der erfindungsgemäßen Verfahren liegt in der leichten Handhabbarkeit. So können durch die Verfahren leicht große Mengen an Proben auf das Vorhandensein der genannten Mikroorganismen getestet werden.

Schließlich stellt die Möglichkeit des gleichzeitigen Nachweises mehrerer der genannten Keime durch den Einsatz von entsprechenden Mischungen von Sonden einen wesentlichen Vorteil gegenüber dem Stand der Technik dar. Dadurch können alle in der Praxis relevanten getränkeschädlichen Mikroorganismen in wenigen Versuchsansätzen nachgewiesen werden.

10

Verschiedene Sonden können dabei mit unterschiedlichen Markierungen versehen sein, so dass die verschiedenen, nachgewiesenen Mikroorganismen auf einfache und zuverlässige Weise diskriminiert werden können. Z. B. kann ein erstes Oligonukleotid spezifisch mit einem grünen Fluoreszenzfarbstoff markiert werden und zum

Nachweis einer ersten Mikroorganismengattung oder –art dienen. Ein zweites Oligonukleotid wird ebenfalls spezifisch, etwa mit einem roten Fluoreszenzfarbstoff, markiert und dient dem Nachweis einer zweiten Mikroorganismengattung oder –art. Die als Kompetitorsonden bezeichneten Oligonukleotide bleiben unmarkiert und verhindern das Binden des markierten ersten und/oder zweiten Oligonukleotids an Bakterien, die nicht zur nachzuweisenden Gattung oder Spezies gehören-Die verschiedenen Marker, z.B. ein grüner Fluoreszenzfarbstoff einerseits und ein roter Fluores-

25 Die erfindungsgemäßen Verfahren können vielfältig angewendet werden.

durch den Einsatz verschiedener Filter in der Fluoreszenzmikroskopie.

So können beispielsweise alkoholfreie Getränke (z.B. Fruchtsäfte, Fruchtnektare, Fruchtkonzentrate, Fruchtpürees, Erfrischungsgetränke und Wässer) auf die Anwesenheit der nachzuweisenden Mikroorganismen untersucht werden.

zenzfarbstoff andererseits, sind voneinander auf einfache Weise unterscheidbar, z.B.

Auch können beispielsweise Umweltproben auf das Vorhandensein der nachzuweisenden Mikroorganismen untersucht werden. Diese Proben können hierzu z.B. aus dem Boden entnommen oder auch Teile von Pflanzen sein.

- Das erfindungsgemäße Verfahren kann weiter zur Untersuchung von Abwasserproben oder Silageproben eingesetzt werden.
 - Das erfindungsgemäße Verfahren kann weiter zur Untersuchung medizinischer Proben, z.B. von Stuhlproben, Blutkulturen, Sputum, Gewebeproben (auch Schnitte),
- Wundmaterial, Urin, Proben aus dem Respirationstrakt, Implantate und Katheteroberflächen eingesetzt werden.
- Ein weiteres Anwendungsgebiet für das erfindungsgemäße Verfahren ist die Kontrolle von Lebensmitteln. In bevorzugten Ausführungsformen werden die

 Lebensmittelproben aus Milch oder Milchprodukten (Joghurt, Käse, Quark, Butter, Buttermilch), Trinkwasser, alkoholischen Getränken (z.B. Bier, Wein, Spirituosen), Backwaren oder Fleischwaren entnommen.
- Ein weiteres Anwendungsgebiet für das erfindungsgemäße Verfahren ist die

 20 Untersuchung pharmazeutischer und kosmetischer Produkte, z.B. Salben, Cremes,
 Tinkturen, Säfte, Lösungen, Tropfen etc.
 - Erfindungsgemäß werden weiterhin Kits zur Durchführung der entsprechenden Verfahren zur Verfügung gestellt. Die in diesen Kits enthaltene
- Hybridisierungsanordnung ist z.B. in der deutschen Patentanmeldung 100 61 655.0 beschrieben. Auf die in diesem Dokument enthaltene Offenbarung bezüglich der in situ-Hybridisierungsanordnung wird hiermit ausdrücklich Bezug genommen.
- Außer der beschriebenen Hybridisierungsanordnung (als VIT-Reaktor bezeichnet)
 30 umfassen die Kits als wichtigsten Bestandteil die jeweilige Hybridisierungslösung

mit den weiter oben beschriebenen für die nachzuweisenden Mikroorganismen spezifischen Nukleinsäuresondenmolekülen (VIT-Lösung). Weiterhin ist jeweils enthalten der entsprechende Hybridisierungspuffer (Solution C) und ein Konzentrat der entsprechenden Waschlösung (Solution D). Weiterhin sind enthalten gegebenenfalls Fixierungslösungen (Solution A und Solution B) sowie gegebenenfalls eine Einbettlösung (Finisher). Gegebenenfalls sind Lösungen zur parallelen Durchführung einer Positivkontrolle (Positive Control) sowie einer Negativkontrolle (Negative Control) enthalten.

Das folgende Beispiel soll die Erfindung erläutern, ohne sie einzuschränken:

Beispiel

Spezifischer Schnellnachweis getränkeschädlicher Mikroorganismen in einer Probe

15

5

Eine Probe wird in geeigneter Weise 20 bis 48 h kultiviert. Zum Nachweis von Hefen und Schimmelpilzen kann die Kultivierung z.B. in SSL-Bouillon für 24 h bei 25 °C erfolgen. Zum Nachweis von Milchsäurebakterien kann die Kultivierung z.B. in MRS-Bouillon für 48 h bei 30 °C erfolgen. Zum Nachweis von

Essigsäurebakterien kann die Kultivierung z.B. auf DSM-Agar für 48 h bei 28 °C erfolgen. Zum Nachweis von Bazillen, vornehmlich B. coagulans kann die Kultivierung z.B. auf Dextrose-Caseinpepton Agar für 48 h bei 55 °C erfolgen. Zum Nachweis von Alicyclobazillen kann die Kultivierung z.B. in BAM-Bouillon für 48 h bei 44 °C erfolgen.

25

30

Zu einem Aliquot der Kultur wird dasselbe Volumen Fixierungslösung (Solution B, Ethanol absolut) zugegeben. Alternativ kann auch ein Aliquot der Kultur zentrifugiert werden (4 000 g, 5 min, Raumtemperatur) und – nach Verwerfen des Überstandes – das Pellet in 4 Tropfen Fixierungslösung (Solution B) aufgenommen werden.

- 77 -

Zur Durchführung der Hybridisierung wird ein geeignetes Aliquot der fixierten Zellen (bevorzugt 5 µl) auf einen Objektträger aufgebracht und getrocknet (46 °C, 30 min oder bis vollständig trocken). Alternativ können die Zellen auch auf andere Trägermaterialien (z. B. eine Mikrotiterplatte oder einen Filter) aufgebracht werden. Anschließend werden die getrockneten Zellen vollständig dehydratisiert durch

Anschließend werden die getrockneten Zellen vollständig dehydratisiert durch erneuten Zusatz der Fixierungslösung (Solution B). Der Objektträger wird erneut getrocknet (Raumtemperatur, 3 min oder bis vollständig trocken).

Anschließend wird auf die fixierten, dehydratisierten Zellen die Hybridisierungslösung (VIT-Lösung, Hybridisierungspuffer mir markierten Sondenmolekülen) mit den weiter oben beschriebenen für die nachzuweisenden Mikroorganismen spezifischen Nukleinsäuresondenmolekülen aufgebracht. Das bevorzugte Volumen beträgt 40 μl. Der Objektträger wird anschließend in einer mit Hybridisierungspuffer (Solution C) befeuchteten Kammer, bevorzugt dem VIT-Reaktor (siehe DE 100 61 655.0), inkubiert (46 °C, 90 min).

Anschließend wird der Objektträger aus der Kammer entnommen, die Kammer mit Waschlösung befüllt (Solution D, 1:10 verdünnt in destilliertem Wasser) und der Objektträger in dieser-inkubiert (46 °C, 15 min).

Anschließend wird die Kammer mit destilliertem Wasser befüllt, der Objektträger kurz eingetaucht und anschließend in seitlicher Stellung luftgetrocknet (46 °C, 30 min oder bis vollständig trocken).

Anschließend wird der Objektträger in einem geeigneten Medium (Finisher) eingebettet.

Abschließend wird die Probe mit Hilfe eines Fluoreszenzmikroskops analysiert.

25

20

5

- 78 -

PATENTANSPRÜCHE

Verfahren zum Nachweis von getränkeschädlichen Mikroorganismen in einer Probe, wobei der Nachweis mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde
 erfolgt, die eine Nukleinsäuresequenz aufweist, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus (sämtliche Sequenzen in 5' → 3'-Richtung):

```
SEQ ID No. 1:
                     5'- GTTTGACCAGATTCTCCGCTC
     SEQ ID No. 5:
                     5'- CCCGGTCGAATTAAAACC
10
     SEQ ID No. 6:
                     5'- GCCCGGTCGAATTAAAAC
     SEQ ID No. 7:
                     5'- GGCCCGGTCGAATTAAAA
     SEQ ID No. 8:
                     5'- AGGCCCGGTCGAATTAAA
     SEQ ID No. 9:
                     5'- AAGGCCCGGTCGAATTAA
     SEQ ID No. 10:
                     5'- ATATTCGAGCGAAACGCC
15
    SEQ ID No. 11:
                     5'- AAAGATCCGGACCGGCCG
     SEQ ID No. 12
                     5'- GGAAAGATCCGGACCGGC
    SEQ ID No. 13
                     5'- GAAAGATCCGGACCGGCC
    SEQ ID No. 14
                    .5'- GATCCGGACCGGCCGACC
    SEQ ID No. 15
                     5'- AGATCCGGACCGGCCGAC
20
    SEQ ID<sup>-</sup>No. 16
                     5'- AAGATCCGGACCGGCCGA
    SEQ ID No. 17
                     5'- GAAAGGCCCGGTCGAATT
    SEQ ID No. 18
                     5'- AAAGGCCCGGTCGAATTA
    SEQ ID No. 19
                    5'- GGAAAGGCCCGGTCGAAT
    SEQ ID No. 20
                    5'- AGGAAAGGCCCGGTCGAA
25
    SEQ ID No. 21
                    5'- AAGGAAAGGCCCGGTCGA
    SEQ ID No. 22:
                    5'- ATAGCACTGGGATCCTCGCC
    SEQ ID No. 23:
                    5'- CCAGCCCCAAAGTTACCTTC
    SEQ ID No. 24:
                    5'- TCCTTGACGTAAAGTCGCAG
```

5'- GGAAGAAAACCAGTACGC

SEQ ID No. 25:

- 79 -

| | SEQ ID No. 26: | 5'- CCGGTCGGAAGAAACCA |
|--------|----------------|------------------------|
| | SEQ ID No. 27: | 5'- GAAGAAAACCAGTACGCG |
| | SEQ ID No. 28: | 5'- CCCGGTCGGAAGAAACC |
| | SEQ ID No. 29: | 5'- CGGTCGGAAGAAAACCAG |
| 5 | SEQ ID No. 30: | 5'- GGTCGGAAGAAAACCAGT |
| | SEQ ID No. 31: | 5'- AAGAAAACCAGTACGCGG |
| | SEQ ID No. 32: | 5'- GTACGCGGAAAAATCCGG |
| | SEQ ID No. 33: | 5'- AGTACGCGGAAAAATCCG |
| | SEQ ID No. 34: | 5'- GCGGAAAAATCCGGACCG |
| 10 | SEQ ID No. 35: | 5'- CGGAAGAAAACCAGTACG |
| | SEQ ID No. 36: | 5'- GCCCGGTCGGAAGAAAAC |
| | SEQ ID No. 37: | 5'- CGCGGAAAAATCCGGACC |
| | SEQ ID No. 38: | 5'- CAGTACGCGGAAAAATCC |
| | SEQ ID No. 39: | 5'- AGAAAACCAGTACGCGGA |
| 15 | SEQ ID No. 40: | 5'- GGCCCGGTCGGAAGAAAA |
| | SEQ ID No. 41: | 5'- ATAAACACCACCCGATCC |
| | SEQ ID No. 42: | 5'- ACGCGGAAAAATCCGGAC |
| | SEQ ID No. 43: | 5'- GAGAGGCCCGGTCGGAAG |
| | SEQ ID No. 44: | 5'- AGAGGCCCGGTCGGAAGA |
| 20 | SEQ ID No45: | 5'- GAGGCCCGGTCGGAAGAA |
| | SEQ ID No. 46: | 5'- AGGCCCGGTCGGAAGAAA |
| | SEQ ID No. 47: | 5'- CCGAGTGGGTCAGTAAAT |
| | SEQ ID No. 48: | 5'- CCAGTACGCGGAAAAATC |
| | SEQ ID No. 49: | 5'- TAAACACCACCCGATCCC |
| 25 | SEQ ID No. 50: | 5'- GGAGAGGCCCGGTCGGAA |
| | SEQ ID No. 51: | 5'- GAAAACCAGTACGCGGAA |
| | SEQ ID No. 52: | 5'- TACGCGGAAAAATCCGGA |
| | SEQ ID No. 53: | 5'- GGCCACAGGGACCCAGGG |
| | SEQ ID No. 54: | 5'- TCACCAAGGGCCACAGGG |
| 30 | SEQ ID No. 55: | 5'- GGGCCACAGGGACCCAGG |
| | | |

| | SEQ ID No. 56: | 5'- TTCACCAAGGGCCACAGG |
|----|----------------|-------------------------|
| | SEQ ID No. 57: | 5'- ACAGGGACCCAGGGCTAG |
| | SEQ ID No. 58: | 5'- AGGGCCACAGGGACCCAG |
| | SEQ ID No. 59: | 5'- GTTCACCAAGGGCCACAG |
| 5 | SEQ ID No. 60: | 5'- GCCACAGGGACCCAGGGC |
| | SEQ ID No. 61: | 5'- CAGGGACCCAGGGCTAGC |
| | SEQ ID No. 62: | 5'- AGGGACCCAGGGCTAGCC |
| | SEQ ID No. 63: | 5'- ACCAAGGGCCACAGGGAC |
| | SEQ ID No. 64: | 5'- CCACAGGGACCCAGGGCT |
| 10 | SEQ ID No. 65: | 5'- CACAGGGACCCAGGGCTA |
| | SEQ ID No. 66: | 5'- CACCAAGGGCCACAGGGA |
| | SEQ ID No. 67: | 5'- GGGACCCAGGGCTAGCCA |
| | SEQ ID No. 68: | 5'- AGGAGAGGCCCGGTCGGA |
| | SEQ ID No. 69: | 5'- AAGGAGAGGCCCGGTCGG |
| 15 | SEQ ID No. 70: | 5'- GAAGGAGAGGCCCGGTCG |
| | SEQ ID No. 71: | 5'- AGGGCTAGCCAGAAGGAG |
| | SEQ ID No. 72: | 5'- GGGCTAGCCAGAAGGAGA |
| | SEQ ID No. 73: | 5'- AGAAGGAGAGGCCCGGTC |
| | SEQ ID No. 74: | 5'- CAAGGGCCACAGGGACCC |
| 20 | SEQ ID No. 75: | 5'- CCAAGGGCCACAGGGACC- |
| | SEQ ID No. 76: | 5'- GTCGGAAAAACCAGTACG |
| | SEQ ID No. 77: | 5'- GCCCGGTCGGAAAAACCA |
| | SEQ ID No. 78: | 5'- CCGGTCGGAAAAACCAGT |
| | SEQ ID No. 79: | 5'- CCCGGTCGGAAAAACCAG |
| 25 | SEQ ID No. 80: | 5'- TCGGAAAAACCAGTACGC |
| | SEQ ID No. 81: | 5'- CGGAAAAACCAGTACGCG |
| | SEQ ID No. 82: | 5'- GGAAAAACCAGTACGCGG |
| | SEQ ID No. 83: | 5'- GTACGCGGAAAAATCCGG |
| | SEQ ID No. 84: | 5'- AGTACGCGGAAAAATCCG |
| 30 | SEQ ID No. 85: | 5'- GCGGAAAAATCCGGACCG |
| | | |

- 81 -

| | SEQ ID No. 86: | 5'- GGTCGGAAAAACCAGTAC |
|----|-----------------|------------------------|
| | SEQ ID No. 87: | 5'- ACTCCTAGTGGTGCCCTT |
| | SEQ ID No. 88: | 5'- GCTCCACTCCTAGTGGTG |
| | SEQ ID No. 89: | 5'- CACTCCTAGTGGTGCCCT |
| 5 | SEQ ID No. 90: | 5'- CTCCACTCCTAGTGGTGC |
| | SEQ ID No. 91: | 5'- TCCACTCCTAGTGGTGCC |
| | SEQ ID No. 92: | 5'- CCACTCCTAGTGGTGCCC |
| | SEQ ID No. 93: | 5'- GGCTCCACTCCTAGTGGT |
| | SEQ ID No. 94: | 5'- AGGCTCCACTCCTAGTGG |
| 10 | SEQ ID No. 95: | 5'- GGCCCGGTCGGAAAAACC |
| | SEQ ID No. 96: | 5'- GAAAAACCAGTACGCGGA |
| | SEQ ID No. 97: | 5'- CGCGGAAAAATCCGGACC |
| | SEQ ID No. 98: | 5'- CAGTACGCGGAAAAATCC |
| | SEQ ID No. 99: | 5'- CGGTCGGAAAAACCAGTA |
| 15 | SEQ ID No. 100: | 5'- AAGGCCCGGTCGGAAAAA |
| | SEQ ID No. 101: | 5'- CAGGCTCCACTCCTAGTG |
| | SEQ ID No. 102: | 5'- CTCCTAGTGGTGCCCTTC |
| | SEQ ID No. 103: | 5'- TCCTAGTGGTGCCCTTCC |
| | SEQ ID No. 104: | 5'- GCAGGCTCCACTCCTAGT |
| 20 | SEQ ID No. 105: | 5'- AGGCCCGGTCGGAAAAAC |
| | SEQ ID No. 106: | 5'- ACGCGGAAAAATCCGGAC |
| | SEQ ID No. 107: | 5'- CCAGTACGCGGAAAAATC |
| | SEQ ID No. 108: | 5'- CTAGTGGTGCCCTTCCGT |
| | SEQ ID No. 109: | 5'- GAAAGGCCCGGTCGGAAA |
| 25 | SEQ ID No. 110: | 5'- AAAGGCCCGGTCGGAAAA |
| | SEQ ID No. 111: | 5'- TACGCGGAAAAATCCGGA |
| | SEQ ID No. 112: | 5'- GGAAAGGCCCGGTCGGAA |
| | SEQ ID No. 113: | 5'- ATCTCTTCCGAAAGGTCG |
| | SEQ ID No. 114: | 5'- CATCTCTTCCGAAAGGTC |
| 30 | SEQ ID No. 115: | 5'- CTCTTCCGAAAGGTCGAG |
| | | |

- 82 -

| | SEQ ID No. 116: | 5'- CTTCCGAAAGGTCGAGAT |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 117: | 5'- TCTCTTCCGAAAGGTCGA |
| | SEQ ID No. 118: | 5'- TCTTCCGAAAGGTCGAGA |
| | SEQ ID No. 119: | 5'- CCTAGTGGTGCCCTTCCG |
| 5 | SEQ ID No. 120: | 5'- TAGTGGTGCCCTTCCGTC |
| | SEQ ID No. 121: | 5'- AGTGGTGCCCTTCCGTCA |
| | SEQ ID No. 122: | 5'- GCCAAGGTTAGACTCGTT |
| | SEQ ID No. 123: | 5'- GGCCAAGGTTAGACTCGT |
| | SEQ ID No. 124: | 5'- CCAAGGTTAGACTCGTTG |
| 10 | SEQ ID No. 125: | 5'- CAAGGTTAGACTCGTTGG |
| | SEQ ID No. 126: | 5'- AAGGTTAGACTCGTTGGC |
| | SEQ ID No. 127: | 5'- CTCGCCTCACGGGGTTCTCA |
| | SEQ ID No. 128: | 5'- GGCCCGGTCGAAATTAAA |
| | SEQ ID No. 129: | 5'- AGGCCCGGTCGAAATTAA |
| 15 | SEQ ID No. 130: | 5'- AAGGCCCGGTCGAAATTA |
| | SEQ ID No. 131: | 5'- AAAGGCCCGGTCGAAATT |
| | SEQ ID No. 132: | 5'- GAAAGGCCCGGTCGAAAT |
| | SEQ ID No. 133: | 5'- ATATTCGAGCGAAACGCC |
| | SEQ ID No. 134: | 5'- GGAAAGGCCCGGTCGAAA |
| 20 | SEQ-ID No. 135: | - 5'AAAGATCCGGACCGGCCG |
| | SEQ ID No. 136: | 5'- GGAAAGATCCGGACCGGC |
| | SEQ ID No. 137: | 5'- GAAAGATCCGGACCGGCC |
| | SEQ ID No. 138: | 5'- GATCCGGACCGGCCGACC |
| | SEQ ID No. 139: | 5'- AGATCCGGACCGGCCGAC |
| 25 | SEQ ID No. 140: | 5'- AAGATCCGGACCGGCCGA |
| | SEQ ID No. 141: | 5'- AGGAAAGGCCCGGTCGAA |
| | SEQ ID No. 142: | 5'- AAGGAAAGGCCCGGTCGA |
| | SEQ ID No. 143: | 5'-CGAGCAAAACGCCTGCTTTG |
| | SEQ ID No. 144: | 5'-CGCTCTGAAAGAGAGTTGCC |
| 30 | SEQ ID No. 145: | 5'-AGTTGCCCCCTACACTAGAC |

| | SEQ ID No. 146: | 5'-GCTTCTCCGTCCCGCGCCG |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 148: | 5'- CCTGGTTCGCCAAAAAGGC |
| | SEQ ID No. 149: | 5'-GATTCTCGGCCCCATGGG |
| | SEQ ID No. 150: | 5'- ACCCTCTACGGCAGCCTGTT |
| 5 | SEQ ID No. 151: | 5'- GATCGGTCTCCAGCGATTCA |
| | SEQ ID No. 152: | 5'- ACCCTCCACGGCGGCCTGTT |
| | SEQ ID No. 153: | 5'- GATTCTCCGCGCCATGGG |
| | SEQ ID No. 154: | 5'- TCATCAGACGGGATTCTCAC |
| | SEQ ID No. 157: | 5'-AGTTGCCCCCTCCTCTAAGC |
| 10 | SEQ ID No. 158: | 5'-CTGCCACAAGGACAAATGGT |
| | SEQ ID No. 159: | 5'-TGCCCCCTCTTCTAAGCAAAT |
| | SEQ ID No. 160: | 5'-CCCCAAAGTTGCCCTCTC |
| | SEQ ID No. 163: | 5`-AAGACCAGGCCACCTCAT |
| | SEQ ID No. 164: | 5'- CATCATAGAACACCGTCC |
| 15 | SEQ ID No. 165: | 5'- CCTTCCGAAGTCGAGGTTTT |
| | SEQ ID No. 166: | 5'- GGGAGTGTTGCCAACTC |
| | SEQ ID No. 167: | 5'- AGCGGTCGTTCGCAACCCT |
| | SEQ ID No. 168: | 5'- CCGAAGTCGGGGTTTTGCGG |
| | SEQ ID No. 169: | 5'- GATAGCCGAAACCACCTTTC |
| 20 | SEQ ID No170:- | 5.'GCCGAAACCACCTTTCAAAC |
| | SEQ ID No. 171: | 5'- GTGATAGCCGAAACCACCTT |
| | SEQ ID No. 172: | 5'- AGTGATAGCCGAAACCACCT |
| | SEQ ID No. 173: | 5'- TTTAACGGGATGCGTTCGAC |
| | SEQ ID No. 174: | 5'- AAGTGATAGCCGAAACCACC |
| 25 | SEQ ID No. 175: | 5'- GGTTGAATACCGTCAACGTC |
| | SEQ ID No. 176: | 5'- GCACAGTATGTCAAGACCTG |
| | SEQ ID No. 177: | 5'- CATCCGATGTGCAAGCACTT |
| | SEQ ID No. 178: | 5'-TCATCCGATGTGCAAGCACT |
| | SEQ ID No. 179: | 5'- CCGATGTGCAAGCACTTCAT |
| 30 | SEQ ID No. 180: | 5'- CCACTCATCCGATGTGCAAG |
| | | |

| | SEQ ID No. 181: | 5'- GCCACAGTTCGCCACTCATC |
|----|-----------------|---------------------------|
| | SEQ ID No. 182: | 5'- CCTCCGCGTTTGTCACCGGC |
| | SEQ ID No. 183: | 5'- ACCAGTTCGCCACAGTTCGC |
| | SEQ ID No. 184: | 5'- CACTCATCCGATGTGCAAGC |
| 5 | SEQ ID No. 185: | 5'- CCAGTTCGCCACAGTTCGCC |
| | SEQ ID No. 186: | 5'- CTCATCCGATGTGCAAGCAC |
| | SEQ ID No. 187: | 5'- TCCGATGTGCAAGCACTTCA |
| | SEQ ID No. 188: | 5'- CGCCACTCATCCGATGTGCA |
| | SEQ ID No. 189: | 5'- CAGTTCGCCACAGTTCGCCA |
| 10 | SEQ ID No. 190: | 5'- GCCACTCATCCGATGTGCAA |
| | SEQ ID No. 191: | 5'- CGCCACAGTTCGCCACTCAT |
| | SEQ ID No. 192: | 5'- ATCCGATGTGCAAGCACTTC |
| | SEQ ID No. 193: | 5'- GTTCGCCACAGTTCGCCACT |
| | SEQ ID No. 194: | 5'- TCCTCCGCGTTTGTCACCGG |
| 15 | SEQ ID No. 195: | 5'- CGCCAGGGTTCATCCTGAGC |
| | SEQ ID No. 196: | 5'- AGTTCGCCACAGTTCGCCAC |
| | SEQ ID No. 197: | 5'- TCGCCACAGTTCGCCACTCA |
| | SEQ ID No. 198: | 5'- TTAACGGGATGCGTTCGACT |
| | SEQ ID No. 199: | 5'- TCGCCACTCATCCGATGTGC |
| 20 | SEQ ID No. 200: | 5'- CCACAGTTCGCCACTCATCC- |
| | SEQ ID No. 201: | 5'- GATTTAACGGGATGCGTTCG |
| | SEQ ID No. 202: | 5'- TAACGGGATGCGTTCGACTT |
| | SEQ ID No. 203: | 5'- AACGGGATGCGTTCGACTTG |
| | SEQ ID No. 204: | 5'- CGAAGGTTACCGAACCGACT |
| 25 | SEQ ID No. 205: | 5'- CCGAAGGTTACCGAACCGAC |
| | SEQ ID No. 206: | 5'- CCCGAAGGTTACCGAACCGA |
| | SEQ ID No. 207: | 5'- TTCCTCCGCGTTTGTCACCG |
| | SEQ ID No. 208: | 5'- CCGCCAGGGTTCATCCTGAG |
| | SEQ ID No. 209: | 5'- TCCTTCCAGAAGTGATAGCC |
| 30 | SEQ ID No. 210: | 5'- CACCAGTTCGCCACAGTTCG |
| | | |

PCT/EP2004/010695

| | SEQ ID No. 211: | 5'- ACGGGATGCGTTCGACTTGC |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 212: | 5'- GTCCTTCCAGAAGTGATAGC |
| | SEQ ID No. 213: | 5'- GCCAGGGTTCATCCTGAGCC |
| | SEQ ID No. 214: | 5'- ACTCATCCGATGTGCAAGCA |
| 5 | SEQ ID No. 215: | 5'- ATCATTGCCTTGGTGAACCG |
| | SEQ ID No. 216: | 5'- TCCGCGTTTGTCACCGGCAG |
| | SEQ ID No. 217: | 5'- TGAACCGTTACTCCACCAAC |
| | SEQ ID No. 218: | 5'- GAAGTGATAGCCGAAACCAC |
| | SEQ ID No. 219: | 5'- CCGCGTTTGTCACCGGCAGT |
| 10 | SEQ ID No. 220: | 5'- TTCGCCACTCATCCGATGTG |
| | SEQ ID No. 221: | 5'- CATTTAACGGGATGCGTTCG |
| | SEQ ID No. 222: | 5'- CACAGTTCGCCACTCATCCG |
| | SEQ ID No. 223: | 5'- TTCGCCACAGTTCGCCACTC |
| | SEQ ID No. 224: | 5'- CTCCGCGTTTGTCACCGGCA |
| 15 | SEQ ID No. 225: | 5'- ACGCCGCCAGGGTTCATCCT |
| | SEQ ID No. 226: | 5'- CCTTCCAGAAGTGATAGCCG |
| | SEQ ID No. 227: | 5'- TCATTGCCTTGGTGAACCGT |
| | SEQ ID No. 228: | 5'- CACAGTATGTCAAGACCTGG |
| | SEQ ID No. 229: | 5'- TTGGTGAACCGTTACTCCAC |
| 20 | SEQ ID-No. 230: | 5' CTTGGTGAACCGTTACTCCA |
| | SEQ ID No. 231: | 5'- GTGAACCGTTACTCCACCAA |
| | SEQ ID No. 232: | 5'- GGCTCCCGAAGGTTACCGAA |
| | SEQ ID No. 233: | 5'- GAAGGTTACCGAACCGACTT |
| | SEQ ID No. 234: | 5'- TGGCTCCCGAAGGTTACCGA |
| 25 | SEQ ID No. 235: | 5'- TAATACGCCGCGGGTCCTTC |
| | SEQ ID No. 236: | 5'- GAACCGTTACTCCACCAACT |
| | SEQ ID No. 237: | 5'- TACGCCGCGGGTCCTTCCAG |
| | SEQ ID No. 238: | 5'- TCACCAGTTCGCCACAGTTC |
| | SEQ ID No. 239: | 5'- CCTTGGTGAACCGTTACTCC |
| 30 | SEQ ID No. 240: | 5'- CTCACCAGTTCGCCACAGTT |
| | | |

- 86 -

| | SEQ ID No. 241: | 5'- CGCCGCCAGGGTTCATCCTG |
|----|-----------------|---------------------------|
| | SEQ ID No. 242: | 5'- CCTTGGTGAACCATTACTCC |
| | SEQ ID No. 243: | 5'- TGGTGAACCATTACTCCACC |
| | SEQ ID No. 244: | 5'- GCCGCCAGGGTTCATCCTGA |
| 5 | SEQ ID No. 245: | 5'- GGTGAACCATTACTCCACCA |
| | SEQ ID No. 246: | 5'- CCAGGGTTCATCCTGAGCCA |
| | SEQ ID No. 247: | 5'- AATACGCCGCGGGTCCTTCC |
| | SEQ ID No. 248: | 5'- CACGCCGCCAGGGTTCATCC |
| | SEQ ID No. 249: | 5'- AGTTCGCCACTCATCCGATG |
| 10 | SEQ ID No. 250: | 5'- CGGGATGCGTTCGACTTGCA |
| | SEQ ID No. 251: | 5'- CATTGCCTTGGTGAACCGTT |
| | SEQ ID No. 252: | 5'- GCACGCCGCCAGGGTTCATC |
| | SEQ ID No. 253: | 5'- CTTCCTCCGCGTTTGTCACC |
| | SEQ ID No. 254: | 5'- TGGTGAACCGTTACTCCACC |
| 15 | SEQ ID No. 255: | 5'- CCTTCCTCCGCGTTTGTCAC |
| | SEQ ID No. 256: | 5'- ACGCCGCGGGTCCTTCCAGA |
| | SEQ ID No. 257: | 5'- GGTGAACCGTTACTCCACCA |
| | SEQ ID No. 258: | 5'- GGGTCCTTCCAGAAGTGATA |
| | SEQ ID No. 259: | 5'- CTTCCAGAAGTGATAGCCGA |
| 20 | SEQ ID No. 260: | 5'GCCTTGGTGAACCATTACTC |
| | SEQ ID No. 261: | 5'- ACAGTTCGCCACTCATCCGA |
| | SEQ ID No. 262: | 5'- ACCTTCCTCCGCGTTTGTCA |
| | SEQ ID No. 263: | 5'- CGAACCGACTTTGGGTGTTG |
| | SEQ ID No. 264: | 5'- GAACCGACTTTGGGTGTTGC |
| 25 | SEQ ID No. 265: | 5'- AGGTTACCGAACCGACTTTG |
| | SEQ ID No. 266: | 5'- ACCGAACCGACTTTGGGTGT |
| | SEQ ID No. 267: | 5'- TTACCGAACCGACTTTGGGT |
| | SEQ ID No. 268: | 5'- TACCGAACCGACTTTGGGTG |
| | SEQ ID No. 269: | 5'- GTTACCGAACCGACTTTGGG |
| 30 | SEQ ID No. 270: | 5'- CCTTTCTGGTATGGTACCGTC |
| | | |

| | SEQ ID No. 271: | 5'- TGCACCGCGGAYCCATCTCT |
|----|-------------------|----------------------------|
| | SEQ ID No. 272: | 5'- AGTTGCAGTCCAGTAAGCCG |
| | SEQ ID No. 273: | 5'- GTTGCAGTCCAGTAAGCCGC |
| | SEQ ID No. 274: | 5'- CAGTTGCAGTCCAGTAAGCC |
| 5 | SEQ ID No. 275: | 5'- TGCAGTCCAGTAAGCCGCCT |
| | SEQ ID No. 276: | 5'- TCAGTTGCAGTCCAGTAAGC |
| | SEQ ID No. 277: | 5'-TTGCAGTCCAGTAAGCCGCC |
| | SEQ ID No. 278: | 5'- GCAGTCCAGTAAGCCGCCTT |
| | SEQ ID No. 279: | 5'- GTCAGTTGCAGTCCAGTAAG |
| 10 | SEQ ID No. 280: | 5'- CTCTAGGTGACGCCGAAGCG |
| | SEQ ID No. 281: | 5'- ATCTCTAGGTGACGCCGAAG |
| | SEQ ID No. 282: | 5'- TCTAGGTGACGCCGAAGCGC |
| | SEQ ID No. 283: | 5'- TCTCTAGGTGACGCCGAAGC |
| | SEQ ID No. 284: | 5'- CCATCTCTAGGTGACGCCGA |
| 15 | SEQ ID No. 285: | 5'- CATCTCTAGGTGACGCCGAA |
| | SEQ ID No. 286: | 5'- TAGGTGACGCCGAAGCGCCT |
| | SEQ ID No. 287: | 5'- CTAGGTGACGCCGAAGCGCC |
| | SEQ ID No. 288: | 5'- CTTAGACGGCTCCTTCCTAA |
| | SEQ ID No. 289: | 5'- CCTTAGACGGCTCCTTCCTA |
| 20 | SEQ ID No. 290: - | - 5'- ACGTCAGTTGCAGTCCAGTA |
| | SEQ ID No. 291: | 5'- CGTCAGTTGCAGTCCAGTAA |
| | SEQ ID No. 292: | 5'- ACGCCGAAGCGCCTTTTAAC |
| | SEQ ID No. 293: | 5'- GACGCCGAAGCGCCTTTTAA |
| | SEQ ID No. 294: | 5'- GCCGAAGCGCCTTTTAACTT |
| 25 | SEQ ID No. 295: | 5'- CGCCGAAGCGCCTTTTAACT |
| | SEQ ID No. 296: | 5'- GTGACGCCGAAGCGCCTTTT |
| | SEQ ID No. 297: | 5'- TGACGCCGAAGCGCCTTTTA |
| | SEQ ID No. 298: | 5'- AGACGGCTCCTTCCTAAAAG |
| | SEQ ID No. 299: | 5'- ACGGCTCCTTCCTAAAAGGT |
| 30 | SEQ ID No. 300: - | 5'- GACGGCTCCTTCCTAAAAGG |
| | | |

- 88 -

| | SEQ ID No. 301: | 5'- CCTTCCTAAAAGGTTAGGCC |
|----|---------------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 302: | 5'- GGTGACGCCAAAGCGCCTTT |
| | SEQ ID No. 303: | 5'- AGGTGACGCCAAAGCGCCTT |
| | SEQ ID No. 304: | 5'- TAGGTGACGCCAAAGCGCCT |
| 5 | SEQ'ID No. 305: | 5'- CTCTAGGTGACGCCAAAGCG |
| | SEQ ID No. 306: | 5'- TCTAGGTGACGCCAAAGCGC |
| | SEQ ID No. 307: | 5'- CTAGGTGACGCCAAAGCGCC |
| | SEQ ID No. 308: | 5'- ACGCCAAAGCGCCTTTTAAC |
| | SEQ ID No. 309: | 5'- CGCCAAAGCGCCTTTTAACT |
| 10 | SEQ ID No. 310: | 5'- TGACGCCAAAGCGCCTTTTA |
| | SEQ ID No. 311: | 5'- TCTCTAGGTGACGCCAAAGC |
| | SEQ ID No. 312: | 5'- GTGACGCCAAAGCGCCTTTT |
| | SEQ ID No. 313: | 5'- GACGCCAAAGCGCCTTTTAA |
| | SEQ ID No. 314: | 5'- ATCTCTAGGTGACGCCAAAG |
| 15 | SEQ ID No. 315: | 5'- CATCTCTAGGTGACGCCAAA |
| | SEQ ID No. 316: | 5'- TCCATCTCTAGGTGACGCCA |
| | SEQ ID No. 317: | 5'- CCATCTCTAGGTGACGCCAA |
| | SEQ ID No. 318: | 5'- CTGCCTTAGACGGCTCCCCC |
| | SEQ ID No. 319: | 5'- CCTGCCTTAGACGGCTCCCC |
| 20 | SEQ ID No. 320: - | -5'GTGTCATGCGACACTGAGTT |
| | SEQ ID No. 321: | 5'- TGTGTCATGCGACACTGAGT |
| | SEQ ID No. 322: | 5'- CTTTGTGTCATGCGACACTG |
| | SEQ ID No. 323: | 5'- TTGTGTCATGCGACACTGAG |
| | SEQ ID No. 324: | 5'- TGCCTTAGACGGCTCCCCCT |
| 25 | SEQ ID No. 325: | 5'- AGACGGCTCCCCCTAAAAGG |
| | SEQ ID No. 326: | 5'- TAGACGGCTCCCCCTAAAAG |
| | SEQ ID No. 327: | 5'- GCCTTAGACGGCTCCCCCTA |
| | SEQ ID No. 328: | 5'- GCTCCCCCTAAAAGGTTAGG |
| | SEQ ID No. 329: | 5'- GGCTCCCCCTAAAAGGTTAG |
| 30 | SEQ ID No. 330: - · | - 5'CTCCCCCTAAAAGGTTAGGC |
| | | |

- 89 -

| | SEQ ID No. 331: | 5'- TCCCCCTAAAAGGTTAGGCC |
|----|-----------------|---------------------------|
| | SEQ ID No. 332: | 5'- CCCTAAAAGGTTAGGCCACC |
| | SEQ ID No. 333: | 5'- CCCCTAAAAGGTTAGGCCAC |
| | SEQ ID No. 334: | 5'- CGGCTCCCCTAAAAGGTTA |
| 5 | SEQ ID No. 335: | 5'- CCCCCTAAAAGGTTAGGCCA |
| | SEQ ID No. 336: | 5'- CTTAGACGGCTCCCCTAAA |
| | SEQ ID No. 337: | 5'- TTAGACGGCTCCCCTAAAA |
| | SEQ ID No. 338: | 5'- GGGTTCGCAACTCGTTGTAT |
| | SEQ ID No. 339: | 5'- CCTTAGACGGCTCCCCCTAA |
| 10 | SEQ ID No. 340: | 5'- ACGGCTCCCCTAAAAGGTT |
| | SEQ ID No. 341: | 5'- GACGGCTCCCCTAAAAGGT |
| | SEQ ID No. 342: | 5'- ACGCCGCAAGACCATCCTCT |
| | SEQ ID No. 343: | 5'- CTAATACGCCGCAAGACCAT |
| | SEQ ID No. 344: | 5'- TACGCCGCAAGACCATCCTC |
| 15 | SEQ ID No. 345: | 5'- GTTACGATCTAGCAAGCCGC |
| | SEQ ID No. 346: | 5'- AATACGCCGCAAGACCATCC |
| | SEQ ID No. 347: | 5'- CGCCGCAAGACCATCCTCTA |
| | SEQ ID No. 348: | 5'- GCTAATACGCCGCAAGACCA |
| | SEQ ID No. 349: | 5'- ACCATCCTCTAGCGATCCAA |
| 20 | SEQ-ID No. 350: | 5'- TAATACGCCGCAAGACCATC |
| | SEQ ID No. 351: | 5'- AGCCATCCCTTTCTGGTAAG |
| | SEQ ID No. 352: | 5'- ATACGCCGCAAGACCATCCT |
| | SEQ ID No. 353: | 5'- AGTTACGATCTAGCAAGCCG |
| | SEQ ID No. 354: | 5'- AGCTAATACGCCGCAAGACC |
| 25 | SEQ ID No. 355: | 5'- GCCGCAAGACCATCCTCTAG |
| | SEQ ID No. 356: | 5'- TTACGATCTAGCAAGCCGCT |
| | SEQ ID No. 357: | 5'- GACCATCCTCTAGCGATCCA |
| | SEQ ID No. 358: | 5'- TTGCTACGTCACTAGGAGGC |
| | SEQ ID No. 359: | 5'- ACGTCACTAGGAGGCGGAAA |
| 30 | SEQ ID No. 360: | -5'- TTTGCTACGTCACTAGGAGG |
| | | |

| | SEQ ID No. 301: | 5 - GCCATCCCTTTCTGGTAAGG |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 362: | 5'- TACGTCACTAGGAGGCGGAA |
| | SEQ ID No. 363: | 5'- CGTCACTAGGAGGCGGAAAC |
| | SEQ ID No. 364: | 5'- AAGACCATCCTCTAGCGATC |
| 5 | SEQ ID No. 365: | 5'- GCACGTATTTAGCCATCCCT |
| | SEQ ID No. 366: | 5'- CTCTAGCGATCCAAAAGGAC |
| | SEQ ID No. 367: | 5'- CCTCTAGCGATCCAAAAGGA |
| | SEQ ID No. 368: | 5'- CCATCCTCTAGCGATCCAAA |
| | SEQ ID No. 369: | 5'- GGCACGTATTTAGCCATCCC |
| 10 | SEQ ID No. 370: | 5'- TACGATCTAGCAAGCCGCTT |
| | SEQ ID No. 371: | 5'- CAGTTACGATCTAGCAAGCC |
| | SEQ ID No. 372: | 5'- CCGCAAGACCATCCTCTAGC |
| | SEQ ID No. 373: | 5'- CCATCCCTTTCTGGTAAGGT |
| | SEQ ID No. 374: | 5'- AGACCATCCTCTAGCGATCC |
| 15 | SEQ ID No. 375: | 5'- CAAGACCATCCTCTAGCGAT |
| | SEQ ID No. 376: | 5'- GCTACGTCACTAGGAGGCGG |
| | SEQ ID No. 377: | 5'- TGCTACGTCACTAGGAGGCG |
| | SEQ ID No. 378: | 5'- CTACGTCACTAGGAGGCGGA |
| | SEQ ID No. 379: | 5'- CCTCAACGTCAGTTACGATC |
| 20 | SEQ ID No. 380: | 5'- GTCACTAGGAGGCGGAAACC |
| | SEQ ID No. 381: | 5'- TCCTCTAGCGATCCAAAAGG |
| | SEQ ID No. 382: | 5'- TGGCACGTATTTAGCCATCC |
| | SEQ ID No. 383: | 5'- ACGATCTAGCAAGCCGCTTT |
| | SEQ ID No. 384: | 5'- GCCAGTCTCTCAACTCGGCT |
| 25 | SEQ ID No. 385: | 5'- AAGCTAATACGCCGCAAGAC |
| | SEQ ID No. 386: | 5'- GTTTGCTACGTCACTAGGAG |
| | SEQ ID No. 387: | 5'- CGCCACTCTAGTCATTGCCT |
| | SEQ ID No. 388: | 5'- GGCCAGCCAGTCTCTCAACT |
| | SEQ ID No. 389: | 5'- CAGCCAGTCTCTCAACTCGG |
| 30 | SEQ ID No. 390: | 5'- CCCGAAGATCAATTCAGCGG |
| | | |

| | SEQ ID No. 391: | 5'- CCGGCCAGTCTCTCAACTCG |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 392: | 5'- CCAGCCAGTCTCTCAACTCG |
| | SEQ ID No. 393: | 5'-TCATTGCCTCACTTCACCCG |
| | SEQ ID No. 394: | 5'- GCCAGCCAGTCTCTCAACTC |
| 5 | SEQ ID No. 395: | 5'- CACCCGAAGATCAATTCAGC |
| | SEQ ID No. 396: | 5'- GTCATTGCCTCACTTCACCC |
| | SEQ ID No. 397: | 5'- CATTGCCTCACTTCACCCGA |
| | SEQ ID No. 398: | 5'- ATTGCCTCACTTCACCCGAA |
| | SEQ ID No. 399: | 5'- CGAAGATCAATTCAGCGGCT |
| 10 | SEQ ID No. 400: | 5'- AGTCATTGCCTCACTTCACC |
| | SEQ ID No. 401: | 5'- TCGCCACTCTAGTCATTGCC |
| | SEQ ID No. 402: | 5'- TTGCCTCACTTCACCCGAAG |
| | SEQ ID No. 403: | 5'- CGGCCAGTCTCTCAACTCGG |
| | SEQ ID No. 404: | 5'- CTGGCACGTATTTAGCCATC |
| 15 | SEQ ID No. 405: | 5'- ACCCGAAGATCAATTCAGCG |
| | SEQ ID No. 406: | 5'- TCTAGCGATCCAAAAGGACC |
| | SEQ ID No. 407: | 5'- CTAGCGATCCAAAAGGACCT |
| | SEQ ID No. 408: | 5'- GCACCCATCGTTTACGGTAT |
| | SEQ ID No. 409: | 5'- CACCCATCGTTTACGGTATG |
| 20 | SEQ ID No. 410: | 5'- GCCACTCTAGTCATTGCCTC |
| | SEQ ID No. 411: | 5'- CGTTTGCTACGTCACTAGGA |
| | SEQ ID No. 412: | 5'- GCCTCAACGTCAGTTACGAT |
| | SEQ ID No. 413: | 5'- GCCGGCCAGTCTCTCAACTC |
| | SEQ ID No. 414: | 5'-TCACTAGGAGGCGGAAACCT |
| 25 | SEQ ID No. 415: | 5'- AGCCTCAACGTCAGTTACGA |
| | SEQ ID No. 416: | 5'- AGCCAGTCTCTCAACTCGGC |
| | SEQ ID No. 417: | 5'- GGCCAGTCTCTCAACTCGGC |
| | SEQ ID No. 418: | 5'- CAAGCTAATACGCCGCAAGA |
| | SEQ ID No. 419: | 5'- TTCGCCACTCTAGTCATTGC |
| 30 | SEQ ID No. 420: | 5'- CCGAAGATCAATTCAGCGGC |
| | | |

| | SEQ ID No. 421: | 5'- CGCAAGACCATCCTCTAGCG |
|----|-----------------|---------------------------|
| | SEQ ID No. 422: | 5'- GCAAGACCATCCTCTAGCGA |
| | SEQ ID No. 423: | 5'- GCGTTTGCTACGTCACTAGG |
| | SEQ ID No. 424: | 5'- CCACTCTAGTCATTGCCTCA |
| 5 | SEQ ID No. 425: | 5'- CACTCTAGTCATTGCCTCAC |
| | SEQ ID No. 426: | 5'- CCAGTCTCTCAACTCGGCTA |
| | SEQ ID No. 427: | 5'- TTACCTTAGGCACCGGCCTC |
| | SEQ ID No. 428: | 5'- ACAAGCTAATACGCCGCAAG |
| | SEQ ID No. 429: | 5'- TTTACCTTAGGCACCGGCCT |
| 10 | SEQ ID No. 430: | 5'- TTTTACCTTAGGCACCGGCC |
| | SEQ ID No. 431: | 5'- ATTTTACCTTAGGCACCGGC |
| | SEQ ID No. 432: | 5'- GATTTTACCTTAGGCACCGG |
| | SEQ ID No. 433: | 5'- CTCACTTCACCCGAAGATCA |
| | SEQ ID No. 434: | 5'- ACGCCACCAGCGTTCATCCT |
| 15 | SEQ ID No. 435: | 5'- GCCAAGCGACTTTGGGTACT |
| | SEQ ID No. 436: | 5'- CGGAAAATTCCCTACTGCAG |
| | SEQ ID No. 437: | 5'- CGATCTAGCAAGCCGCTTTC |
| | SEQ ID No. 438: | 5'- GGTACCGTCAAGCTGAAAAC |
| | SEQ ID No. 439: | 5'- TGCCTCACTTCACCCGAAGA |
| 20 | SEQ ID No. 440: | 5'- GGCCGGCCAGTCTCTCAACT- |
| | SEQ ID No. 441: | 5'- GGTAAGGTACCGTCAAGCTG |
| | SEQ ID No. 442: | 5'- GTAAGGTACCGTCAAGCTGA |
| | SEQ ID No. 443: | 5'CCGCAAGACCATCCTCTAGG |
| | SEQ ID No. 444: | 5'- ATTTAGCCATCCCTTTCTGG |
| 25 | SEQ ID No. 445: | 5'- AACCCTTCATCACACACG |
| | SEQ ID No. 446: | 5'- CGAAACCCTTCATCACAC |
| | SEQ ID No. 447: | 5'- ACCCTTCATCACACACGC |
| | SEQ ID No. 448: | 5'- TACCGTCACACACTGAAC |
| | SEQ ID No. 449: | 5'- AGATACCGTCACACACTG |
| 30 | SEQ ID No. 450: | 5'- CACTCAAGGGGGGAAACC |
| | | |

| | SEQ ID No. 451: | 5'- ACCGTCACACACTGAACA |
|----|-------------------|------------------------|
| | SEQ ID No. 452: | 5'- CGTCACACACTGAACAGT |
| | SEQ ID No. 453: | 5'- CCGAAACCCTTCATCACA |
| | SEQ ID No. 454: | 5'- CCGTCACACACTGAACAG |
| 5 | SEQ ID No. 455: | 5'- GATACCGTCACACACTGA |
| | SEQ ID No. 456: | 5'- GGTAAGATACCGTCACAC |
| | SEQ ID No. 457: | 5'- CCCTTCATCACACACGCG |
| | SEQ ID No. 458: | 5'- ACAGTGTTTTACGAGCCG |
| | SEQ ID No. 459: | 5'- CAGTGTTTTACGAGCCGA |
| 10 | SEQ ID No. 460: | 5'- ACAAAGCGTTCGACTTGC |
| | SEQ ID No. 461: | 5'- CGGATAACGCTTGGAACA |
| | SEQ ID No. 462: | 5'- AGGGCGGAAACCCTCGAA |
| | SEQ ID No. 463: | 5'- GGGCGGAAACCCTCGAAC |
| | SEQ ID No. 464: | 5'- GGCGGAAACCCTCGAACA |
| 15 | SEQ ID No. 465: | 5'- TGAGGGCTTTCACTTCAG |
| | SEQ ID No. 466: | 5'- AGGGCTTTCACTTCAGAC |
| | SEQ ID No. 467: | 5'- GAGGGCTTTCACTTCAGA |
| | SEQ ID No. 468: | 5'- ACTGCACTCAAGTCATCC |
| | SEQ ID No. 469: | 5'- CCGGATAACGCTTGGAAC |
| 20 | SEQ ID No. 470: - | 5' TCCGGATAACGCTTGGAA- |
| | SEQ ID No. 471: | 5'- TATCCCCTGCTAAGAGGT |
| | SEQ ID No. 472: | 5'- CCTGCTAAGAGGTAGGTT |
| | SEQ ID No. 473: | 5'- CCCTGCTAAGAGGTAGGT |
| | SEQ ID No. 474: | 5'- CCCCTGCTAAGAGGTAGG |
| 25 | SEQ ID No. 475: | 5'- TCCCCTGCTAAGAGGTAG |
| | SEQ ID No. 476: | 5'- ATCCCCTGCTAAGAGGTA |
| | SEQ ID No. 477: | 5'- CCGTTCCTTTCTGGTAAG |
| | SEQ ID No. 478: | 5'- GCCGTTCCTTTCTGGTAA |
| | SEQ ID No. 479: | 5'- AGCCGTTCCTTTCTGGTA |
| 30 | SEQ ID No. 480: | 5'- GCACGTATTTAGECGTTC |
| | | |

| | SEQ ID No. 481: | 5'- CACGTATTTAGCCGTTCC |
|----|-----------------------|-------------------------|
| | SEQ ID No. 482: | 5'- GGCACGTATTTAGCCGTT |
| | SEQ ID No. 483: | 5'- CACTTTCCTCTACTGCAC |
| | SEQ ID No. 484: | 5'- CCACTTTCCTCTACTGCA |
| 5 | SEQ ID No. 485: — | 5°-TCCACTTTCCTCTACTGC |
| | SEQ ID No. 486: | 5'- CTTTCCTCTACTGCACTC |
| | SEQ ID No. 487: | 5'- TAGCCGTTCCTTTCTGGT |
| | SEQ ID No. 488: | 5'- TTAGCCGTTCCTTTCTGG |
| | SEQ ID No. 489: | 5'- TTATCCCCTGCTAAGAGG |
| 10 | SEQ ID No. 490: | 5'- GTTATCCCCTGCTAAGAG |
| | SEQ ID No. 491: | 5'- CCCGTTCGCCACTCTTTG |
| | SEQ ID No. 492: | 5'- AGCTGAGGGCTTTCACTT |
| | SEQ ID No. 493: | 5'- GAGCTGAGGGCTTTCACT |
| | SEQ ID No. 494: | 5'- GCTGAGGGCTTTCACTTC |
| 15 | SEQ ID No. 495: | 5'- CTGAGGGCTTTCACTTCA |
| | SEQ ID No. 496: | 5' CCCGTGTCCCGAAGGAAC |
| | SEQ ID No. 497: | 5' GCACGAGTATGTCAAGAC |
| | SEQ ID No. 498: | 5' GTATCCCGTGTCCCGAAG |
| | SEQ ID No. 499: | 5' TCCCGTGTCCCGAAGGAA |
| 20 | SEQ ID No. 500: | 5' ATCCCGTGTCCCGAAGGA - |
| | SEQ ID No. 501: | 5' TATCCCGTGTCCCGAAGG |
| | SEQ ID No. 502:- | 5' CTTACCTTAGGAAGCGCC |
| | SEQ ID No. 503: · · · | 5' TTACCTTAGGAAGCGCCC |
| | SEQ ID No. 504: | 5' CCTGTATCCCGTGTCCCG |
| 25 | SEQ ID No. 505: | 5' CCACCTGTATCCCGTGTC |
| | SEQ ID No. 506: | 5' CACCTGTATCCCGTGTCC |
| | SEQ ID No. 507: | 5' ACCTGTATCCCGTGTCCC |
| | SEQ ID No. 508: | 5' CTGTATCCCGTGTCCCGA |
| | SEQ ID No. 509: | 5' TGTATCCCGTGTCCCGAA |
| 30 | SEQ ID No. 510: | 5' CACGAGTATGTCAAGACC |
| | | |

SEQ ID No. 511: 5' CGGTCTTACCTTAGGAAG

PCT/EP2004/010695

| | DEQ 12 1.0.012. | |
|----|------------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 512: | 5' TAGGAAGCGCCCTCCTTG |
| | SEQ ID No. 513: | 5' AGGAAGCGCCCTCCTTGC |
| | SEQ ID No. 514: | 5' TTAGGAAGCGCCCTCCTT |
| 5 | SEQ ID No. 515:" | ~~ 5′~CTTAGGAAGCGCCCTCCT |
| | SEQ ID No. 516: | 5' CCTTAGGAAGCGCCCTCC |
| | SEQ ID No. 517: | 5' ACCTTAGGAAGCGCCCTC |
| | SEQ ID No. 518: | 5' TGCACACAATGGTTGAGC |
| | SEQ ID No. 519: | 5' TACCTTAGGAAGCGCCCT |
| 10 | SEQ ID No. 520: | 5' ACCACCTGTATCCCGTGT |
| | SEQ ID No. 521: | 5' GCACCACCTGTATCCCGT |
| | SEQ ID No. 522: | 5' CACCACCTGTATCCCGTG |
| | SEQ ID No. 523: | 5' GCGGTTAGGCAACCTACT |
| | SEQ ID No. 524: | 5' TGCGGTTAGGCAACCTAC |
| 15 | SEQ ID No. 525: | 5' TTGCGGTTAGGCAACCTA |
| | SEQ ID No. 526: | 5' GGTCTTACCTTAGGAAGC |
| | SEQ ID No. 527: | 5' GCTAATACAACGCGGGAT |
| | SEQ ID No. 528: | 5' CTAATACAACGCGGGATC |
| | SEQ ID No. 529: | 5' ATACAACGCGGGATCATC |
| 20 | SEQ ID No. 530: | 5'-CGGTTAGGCAACCTACTT |
| | SEQ ID No. 531: | 5' TGCACCACCTGTATCCCG |
| | SEQ ID No. 532: | 5' GAAGCGCCCTCCTTGCGG |
| | SEQ ID No. 533: | 5' GGAAGCGCCCTCCTTGCG |
| | SEQ ID No. 534: | 5' CGTCCCTTTCTGGTTAGA |
| 25 | SEQ ID No. 535: | 5' AGCTAATACAACGCGGGA |
| | SEQ ID No. 536: | 5' TAGCTAATACAACGCGGG |
| | SEQ ID No. 537: | 5' CTAGCTAATACAACGCGG |
| | SEQ ID No. 538: | 5' GGCTATGTATCATCGCCT |
| | SEQ ID No. 539: | 5' GAGCCACTGCCTTTTACA |
| 30 | SEQ ID No. 540: | 5' GTCGGCTATGTATCATCG |
| | | |

- 96 -

| | SEQ ID No. 541: | 5' GGTCGGCTATGTATCATC |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 542: | 5' CAGGTCGGCTATGTATCA |
| | SEQ ID No. 543: | 5' CGGCTATGTATCATCGCC |
| | SEQ ID No. 544: | 5' TCGGCTATGTATCATCGC |
| 5 | SEQ ID No. 545: | 5' GTCTTACCTTAGGAAGCG |
| | SEQ ID No. 546: | 5' TCTTACCTTAGGAAGCGC |
| | SEQ ID No. 547: | 5'- GTACAAACCGCCTACACGCC |
| | SEQ ID No. 548: | 5'- TGTACAAACCGCCTACACGC |
| | SEQ ID No. 549: | 5'- GATCAGCACGATGTCGCCAT |
| 10 | SEQ ID No. 550: | 5'- CTGTACAAACCGCCTACACG |
| | SEQ ID No. 551: | 5'- GAGATCAGCACGATGTCGCC |
| | SEQ ID No. 552: | 5'- AGATCAGCACGATGTCGCCA |
| | SEQ ID No. 553: | 5'- ATCAGCACGATGTCGCCATC |
| | SEQ ID No. 554: | 5'- TCAGCACGATGTCGCCATCT |
| 15 | SEQ ID No. 555: | 5'- ACTGTACAAACCGCCTACAC |
| | SEQ ID No. 556: | 5'- CCGCCACTAAGGCCGAAACC |
| | SEQ ID No. 557: | 5'- CAGCACGATGTCGCCATCTA |
| | SEQ ID No. 558: | 5'- TACAAACCGCCTACACGCCC |
| | SEQ ID No. 559: | 5'- AGCACGATGTCGCCATCTAG |
| 20 | SEQ ID No. 560: | 5'- CGGCTTTTAGAGATCAGCAC |
| | SEQ ID No. 561: | 5'- TCCGCCACTAAGGCCGAAAC |
| | SEQ ID No. 562: | 5'- GACTGTACAAACCGCCTACA |
| | SEQ ID No. 563: | 5'- GTCCGCCACTAAGGCCGAAA |
| | SEQ ID No. 564: | 5'- GGGGATTTCACATCTGACTG |
| 25 | SEQ ID No. 565: | 5'- CATACAAGCCCTGGTAAGGT |
| | SEQ ID No. 566: | 5'- ACAAGCCCTGGTAAGGTTCT |
| | SEQ ID No. 567: | 5'- ACAAACCGCCTACACGCCCT |
| | SEQ ID No. 568: | 5'- CTGACTGTACAAACCGCCTA |
| | SEQ ID No. 569: | 5'- TGACTGTACAAACCGCCTAC |
| 30 | SEQ ID No. 570: | 5'- ACGATGTCGCCATCTAGCTT |
| | | |

PCT/EP2004/010695

- 97 **-**

| | SEQ ID No. 571: | 5'- CACGATGTCGCCATCTAGCT |
|----|-------------------|---------------------------|
| | SEQ ID No. 572: | 5'- CGATGTCGCCATCTAGCTTC |
| | SEQ ID No. 573: | 5'- GCACGATGTCGCCATCTAGC |
| | SEQ ID No. 574: | 5'- GATGTCGCCATCTAGCTTCC |
| 5 | SEQ ID No. 575: | 5'- ATGTCGCCATCTAGCTTCCC |
| | SEQ ID No. 576: | 5'- TGTCGCCATCTAGCTTCCCA |
| | SEQ ID No. 577: | 5'- GCCATCTAGCTTCCCACTGT |
| | SEQ ID No. 578: | 5'- TCGCCATCTAGCTTCCCACT |
| | SEQ ID No. 579: | 5'- CGCCATCTAGCTTCCCACTG |
| 10 | SEQ ID No. 580: | 5'- GTCGCCATCTAGCTTCCCAC |
| | SEQ ID No. 581: | 5'- TACAAGCCCTGGTAAGGTTC |
| | SEQ ID No. 582: | 5'- GCCACTAAGGCCGAAACCTT |
| | SEQ ID No. 583: | 5'- ACTAAGGCCGAAACCTTCGT |
| | SEQ ID No. 584: | 5'- CTAAGGCCGAAACCTTCGTG |
| 15 | SEQ ID No. 585: | 5'- CACTAAGGCCGAAACCTTCG |
| | SEQ ID No. 586: | 5'- AAGGCCGAAACCTTCGTGCG |
| | SEQ ID No. 587: | 5'- CCACTAAGGCCGAAACCTTC |
| | SEQ ID No. 588: | 5'-TAAGGCCGAAACCTTCGTGC |
| | SEQ ID No. 589: | 5'- AGGCCGAAACCTTCGTGCGA |
| 20 | SEQ ID No. 590: — | 5'- TCTGACTGTACAAACCGCCT |
| | SEQ ID No. 591: | 5'- CATCTGACTGTACAAACCGC |
| | SEQ ID No. 592: | 5'- ATCTGACTGTACAAACCGCC |
| | SEQ ID No. 593: | 5'- CTTCGTGCGACTTGCATGTG |
| | SEQ ID No. 594: | 5'- CCTTCGTGCGACTTGCATGT |
| 25 | SEQ ID No. 595: | 5'- CTCTCTAGAGTGCCCACCCA |
| | SEQ ID No. 596: | 5'- TCTCTAGAGTGCCCACCCAA |
| | SEQ ID No. 597: | 5'- ACGTATCAAATGCAGCTCCC |
| | SEQ ID No. 598: | 5'- CGTATCAAATGCAGCTCCCA |
| | SEQ ID No. 599: | 5'- CGCCACTAAGGCCGAAACCT |
| 30 | SEQ ID No. 600: | 5'- CCGAAACCTTCGTGCGACTT- |
| | | |

- 98 -

| | SEQ ID No. 601: | 5'- GCCGAAACCTTCGTGCGACT |
|----|------------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 602: | 5'- AACCTTCGTGCGACTTGCAT |
| | SEQ ID No. 603: | 5'- CGAAACCTTCGTGCGACTTG |
| | SEQ ID No. 604: | 5'- ACCTTCGTGCGACTTGCATG |
| 5 | SEQ ID No. 605: | 5'- GAAACCTTCGTGCGACTTGC |
| | SEQ ID No. 606: | 5'- GGCCGAAACCTTCGTGCGAC |
| | SEQ ID No. 607: | 5'- AAACCTTCGTGCGACTTGCA |
| | SEQ ID No. 608: | 5'- CACGTATCAAATGCAGCTCC |
| | SEQ ID No. 609: | 5'- GCTCACCGGCTTAAGGTCAA |
| 10 | SEQ ID No. 610: | 5'- CGCTCACCGGCTTAAGGTCA |
| | SEQ ID No. 611: | 5'- TCGCTCACCGGCTTAAGGTC |
| | SEQ ID No. 612: | 5'- CTCACCGGCTTAAGGTCAAA |
| | SEQ ID No. 613: | 5'- CCCGACCGTGGTCGGCTGCG |
| | SEQ ID No. 614: | 5'- GCTCACCGGCTTAAGGTCAA |
| 15 | SEQ ID No. 615: | 5'- CGCTCACCGGCTTAAGGTCA |
| | SEQ ID No. 616: | 5'- TCGCTCACCGGCTTAAGGTC |
| | SEQ ID No. 617: | 5'- CTCACCGGCTTAAGGTCAAA |
| | SEQ ID No. 618: | 5'- CCCGACCGTGGTCGGCTGCG |
| | SEQ ID No. 619: | 5'- TCACCGGCTTAAGGTCAAAC |
| 20 | SEQ ID No. 620:- | - 5'- CAACCETCTCACACTCTA |
| | SEQ ID No. 621: | 5'- ACAACCCTCTCTCACACTCT |
| | SEQ ID No. 622: | 5'- CCACAACCCTCTCTCACACT |
| | SEQ ID No. 623: | 5'- AACCCTCTCTCACACTCTAG |
| | SEQ ID No. 624: | 5'- CACAACCCTCTCTCACACTC |
| 25 | SEQ ID No. 625: | 5'- TCCACAACCCTCTCTCACAC |
| | SEQ ID No. 626: | 5'- TTCCACAACCCTCTCTCACA |
| | SEQ ID No. 627: | 5'- ACCCTCTCTCACACTCTAGT |
| | SEQ ID No. 628: | 5'- GAGCCAGGTTGCCGCCTTCG |
| | SEQ ID No. 629: | 5'- AGGTCAAACCAACTCCCATG |
| 30 | SEQ ID No. 630: | 5'- ATGAGCCAGGTTGCCGCCTT |
| | | |

- 99 -

| | SEQ ID No. 631: | 5'- TGAGCCAGGTTGCCGCCTTC |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 632: | 5'- AGGCTCCTCCACAGGCGACT |
| | SEQ ID No. 633: | 5'- CAGGCTCCTCCACAGGCGAC |
| | SEQ ID No. 634: | 5'- GCAGGCTCCTCCACAGGCGA |
| 5 | SEQ ID No. 635: | 5'- TTCGCTCACCGGCTTAAGGT |
| | SEQ ID No. 636: | 5'- GTTCGCTCACCGGCTTAAGG |
| | SEQ ID No. 637: | 5'- GGTTCGCTCACCGGCTTAAG |
| | SEQ ID No. 638: | 5'- ATTCCACAACCCTCTCTCAC |
| | SEQ ID No. 639: | 5'- TGACCCGACCGTGGTCGGCT |
| 10 | SEQ ID No. 640: | 5'- CCCTCTCTCACACTCTAGTC |
| | SEQ ID No. 641: | 5'- GAATTCCACAACCCTCTCTC |
| | SEQ ID No. 642: | 5'- AGCCAGGTTGCCGCCTTCGC |
| | SEQ ID No. 643: | 5'- GCCAGGTTGCCGCCTTCGCC |
| | SEQ ID No. 644: | 5'- GGAATTCCACAACCCTCTCT |
| 15 | SEQ ID No. 645: | 5'- GGGAATTCCACAACCCTCTC |
| | SEQ ID No. 646: | 5'- AACGCAGGCTCCTCCACAGG |
| | SEQ ID No. 647: | 5'- CGGCTTAAGGTCAAACCAAC |
| | SEQ ID No. 648: | 5'- CCGGCTTAAGGTCAAACCAA |
| | SEQ ID No. 649: | 5'- CACCGGCTTAAGGTCAAACC |
| 20 | SEQ ID No. 650: | 5'- ACCGGCTTAAGGTCAAACCA |
| | SEQ ID No. 651: | 5'- ACCCAACATCCAGCACACAT |
| | SEQ ID No. 652: | 5'- TCGCTGACCCGACCGTGGTC |
| | SEQ ID No. 653: | 5'- CGCTGACCCGACCGTGGTCG |
| | SEQ ID No. 654: | 5'- GACCCGACCGTGGTCGGCTG |
| 25 | SEQ ID No. 655: | 5'- GCTGACCCGACCGTGGTCGG |
| | SEQ ID No. 656: | 5'- CTGACCCGACCGTGGTCGGC |
| | SEQ ID No. 657: | 5'- CAGGCGACTTGCGCCTTTGA |
| | SEQ ID No. 658: | 5'- TCATGCGGTATTAGCTCCAG |
| | SEQ ID No. 659: | 5'- ACTAGCTAATCGAACGCAGG |
| 30 | SEQ ID No. 660: | 5'- CATGCGGTATTAGCTCCAGT |

| | SEQ ID No. 661: | 5'- CGCAGGCTCCTCCACAGGCG |
|----|-----------------|---------------------------|
| | SEQ ID No. 662: | 5'- ACGCAGGCTCCTCCACAGGC |
| | SEQ ID No. 663: | 5'- CTCAGGTGTCATGCGGTATT |
| | SEQ ID No. 664: | 5'- CGCCTTTGACCCTCAGGTGT |
| 5 | SEQ ID No. 665: | 5'- ACCCTCAGGTGTCATGCGGT |
| | SEQ ID No. 666: | 5'- CCTCAGGTGTCATGCGGTAT |
| | SEQ ID No. 667: | 5'- TTTGACCCTCAGGTGTCATG |
| | SEQ ID No. 668: | 5'- GACCCTCAGGTGTCATGCGG |
| | SEQ ID No. 669: | 5'- TGACCCTCAGGTGTCATGCG |
| 10 | SEQ ID No. 670: | 5'- GCCTTTGACCCTCAGGTGTC |
| | SEQ ID No. 671: | 5'- TTGACCCTCAGGTGTCATGC |
| | SEQ ID No. 672: | 5'- CCCTCAGGTGTCATGCGGTA |
| | SEQ ID No. 673: | 5'- CCTTTGACCCTCAGGTGTCA |
| | SEQ ID No. 674: | 5'- CTTTGACCCTCAGGTGTCAT |
| 15 | SEQ ID No. 675: | 5'- AGTTATCCCCCACCCATGGA |
| | SEQ ID No. 676: | 5'- CCAGCTATCGATCATCGCCT |
| | SEQ ID No. 677: | 5'- ACCAGCTATCGATCATCGCC |
| | SEQ ID No. 678: | 5'- CAGCTATCGATCATCGCCTT |
| | SEQ ID No. 679: | 5'- AGCTATCGATCATCGCCTTG |
| 20 | SEQ ID No. 680: | 5'- GCTATCGATCATCGCCTTGG- |
| | SEQ ID No. 681: | 5'- CTATCGATCATCGCCTTGGT |
| | SEQ ID No. 682: | 5'- TTCGTGCGACTTGCATGTGT. |
| | SEQ ID No. 683: | 5'-TCGATCATCGCCTTGGTAGG |
| | SEQ ID No. 684: | 5'- ATCGATCATCGCCTTGGTAG |
| 25 | SEQ ID No. 685: | 5'- CACAGGCGACTTGCGCCTTT |
| | SEQ ID No. 686: | 5'- CCACAGGCGACTTGCGCCTT |
| | SEQ ID No. 687: | 5'- TCCACAGGCGACTTGCGCCT |
| | SEQ ID No. 688: | 5'- TCCTCCACAGGCGACTTGCG |
| | SEQ ID No. 689: | 5'- CCTCCACAGGCGACTTGCGC |
| 30 | SEQ ID No. 690: | 5'- CTCCACAGGCGACTTGCGCC |

- 101 -

| | SEQ ID No. 691: | 5'- ACAGGCGACTTGCGCCTTTG |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 692: | 5'- GCTCACCGGCTTAAGGTCAA |
| | SEQ ID No. 693: | 5'- CGCTCACCGGCTTAAGGTCA |
| | SEQ ID No. 694: | 5'- TCGCTCACCGGCTTAAGGTC |
| 5 | SEQ ID No. 695: | 5'- CTCACCGGCTTAAGGTCAAA |
| | SEQ ID No. 696: | 5'- CCCGACCGTGGTCGGCTGCG |
| | SEQ ID No. 697: | 5'- TCACCGGCTTAAGGTCAAAC |
| | SEQ ID No. 698: | 5'- CAACCCTCTCTCACACTCTA |
| | SEQ ID No. 699: | 5'- ACAACCCTCTCTCACACTCT |
| 10 | SEQ ID No. 700: | 5'- CCACAACCCTCTCTCACACT |
| | SEQ ID No. 701: | 5'- AACCCTCTCTCACACTCTAG |
| | SEQ ID No. 702: | 5'- CACAACCCTCTCTCACACTC |
| | SEQ ID No. 703: | 5'- TCCACAACCCTCTCTCACAC |
| | SEQ ID No. 704: | 5'- TTCCACAACCCTCTCTCACA |
| 15 | SEQ ID No. 705: | 5'- ACCCTCTCTCACACTCTAGT |
| | SEQ ID No. 706: | 5'- GAGCCAGGTTGCCGCCTTCG |
| | SEQ ID No. 707: | 5'- AGGTCAAACCAACTCCCATG |
| | SEQ ID No. 708: | 5'- ATGAGCCAGGTTGCCGCCTT |
| | SEQ ID No. 709: | 5'- TGAGCCAGGTTGCCGCCTTC |
| 20 | SEQ ID No. 710: | 5'- AGGCTCCTCCACAGGCGACT |
| | SEQ ID No. 711: | 5'- CAGGCTCCTCCACAGGCGAC |
| | SEQ ID No. 712: | 5'- GCAGGCTCCTCCACAGGCGA |
| | SEQ ID No. 713: | 5'- TTCGCTCACCGGCTTAAGGT |
| | SEQ ID No. 714: | 5'- GTTCGCTCACCGGCTTAAGG |
| 25 | SEQ ID No. 715: | 5'- GGTTCGCTCACCGGCTTAAG |
| | SEQ ID No. 716: | 5'- ATTCCACAACCCTCTCTCAC |
| | SEQ ID No. 717: | 5'- TGACCCGACCGTGGTCGGCT |
| | SEQ ID No. 718: | 5'- CCCTCTCTCACACTCTAGTC |
| | SEQ ID No. 719: | 5'- GAATTCCACAACCCTCTCTC |
| 30 | SEQ ID No. 720: | 5'- AGCCAGGTTGCCGCCTTCGC |
| | | |

- 102 -

| | • | |
|----|-----------------|----------------------------|
| | SEQ ID No. 721: | 5'- GCCAGGTTGCCGCCTTCGCC |
| | SEQ ID No. 722: | 5'- GGAATTCCACAACCCTCTCT |
| | SEQ ID No. 723: | 5'- GGGAATTCCACAACCCTCTC |
| | SEQ ID No. 724: | 5'- AACGCAGGCTCCTCCACAGG |
| 5 | SEQ ID No. 725: | 5'- CGGCTTAAGGTCAAACCAAC |
| | SEQ ID No. 726: | 5'- CCGGCTTAAGGTCAAACCAA |
| | SEQ ID No. 727: | 5'- CACCGGCTTAAGGTCAAACC |
| | SEQ ID No. 728: | 5'- ACCGGCTTAAGGTCAAACCA |
| | SEQ ID No. 729: | 5'- ACCCAACATCCAGCACACAT |
| 10 | SEQ ID No. 730: | 5'- TCGCTGACCCGACCGTGGTC |
| | SEQ ID No. 731: | 5'- CGCTGACCCGACCGTGGTCG |
| | SEQ ID No. 732: | 5'- GACCCGACCGTGGTCGGCTG |
| | SEQ ID No. 733: | 5'- GCTGACCCGACCGTGGTCGG |
| | SEQ ID No. 734: | 5'- CTGACCCGACCGTGGTCGGC |
| 15 | SEQ ID No. 735: | 5'- CAGGCGACTTGCGCCTTTGA |
| | SEQ ID No. 736: | 5'- TCATGCGGTATTAGCTCCAG |
| | SEQ ID No. 737: | 5'- ACTAGCTAATCGAACGCAGG |
| | SEQ ID No. 738: | 5'- CATGCGGTATTAGCTCCAGT |
| | SEQ ID No. 739: | 5'- CGCAGGCTCCTCCACAGGCG |
| 20 | SEQ ID No. 740: | 5'- ACGCAGGCTCCTCCACAGGC |
| | SEQ ID No. 741: | 5'- CTCAGGTGTCATGCGGTATT |
| | SEQ ID No. 742: | 5'- CGCCTTTGACCCTCAGGTGT |
| | SEQ ID No. 743: | 5'- ACCCTCAGGTGTCATGCGGT |
| | SEQ ID No. 744: | 5'- CCTCAGGTGTCATGCGGTAT |
| 25 | SEQ ID No. 745: | 5'- TTTGACCCTCAGGTGTCATG |
| | SEQ ID No. 746: | 5'- GACCCTCAGGTGTCATGCGG |
| | SEQ ID No. 747: | 5'- TGACCCTCAGGTGTCATGCG |
| | SEQ ID No. 748: | 5'- GCCTTTGACCCTCAGGTGTC |
| | SEQ ID No. 749: | 5'- TTGACCCTCAGGTGTCATGC |
| 30 | SEQ ID No. 750: | 5'- CCCTCAGGTGTCATGCGGTA - |

| | SEQ ID No. 751: | 5'- CCTTTGACCCTCAGGTGTCA |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 752: | 5'- CTTTGACCCTCAGGTGTCAT |
| | SEQ ID No. 753: | 5'- AGTTATCCCCCACCCATGGA |
| | SEQ ID No. 754: | 5'- CCAGCTATCGATCATCGCCT |
| 5 | SEQ ID No. 755: | 5'- ACCAGCTATCGATCATCGCC |
| | SEQ ID No. 756: | 5'- CAGCTATCGATCATCGCCTT |
| | SEQ ID No. 757: | 5'- AGCTATCGATCATCGCCTTG |
| | SEQ ID No. 758: | 5'- GCTATCGATCATCGCCTTGG |
| | SEQ ID No. 759: | 5'- CTATCGATCATCGCCTTGGT |
| 10 | SEQ ID No. 760: | 5'- TTCGTGCGACTTGCATGTGT |
| | SEQ ID No. 761: | 5'- TCGATCATCGCCTTGGTAGG |
| | SEQ ID No. 762: | 5'- ATCGATCATCGCCTTGGTAG |
| | SEQ ID No. 763: | 5'- CACAGGCGACTTGCGCCTTT |
| | SEQ ID No. 764: | 5'- CCACAGGCGACTTGCGCCTT |
| 15 | SEQ ID No. 765: | 5'- TCCACAGGCGACTTGCGCCT |
| | SEQ ID No. 766: | 5'- TCCTCCACAGGCGACTTGCG |
| | SEQ ID No. 767: | 5'- CCTCCACAGGCGACTTGCGC |
| | SEQ ID No. 768: | 5'- CTCCACAGGCGACTTGCGCC |
| | SEQ ID No. 769: | 5'- ACAGGCGACTTGCGCCTTTG |
| 20 | SEQ ID No. 770: | 5'- TCACCGGCTTAAGGTCAAAC |
| | SEQ ID No. 771: | 5'- CAACCCTCTCTCACACTCTA |
| | SEQ ID No. 772: | 5'- ACAACCCTCTCTCACACTCT |
| | SEQ ID No. 773: | 5'- CCACAACCCTCTCTCACACT |
| | SEQ ID No. 774: | 5'- AACCCTCTCTCACACTCTAG |
| 25 | SEQ ID No. 775: | 5'- CACAACCCTCTCTCACACTC |
| | SEQ ID No. 776: | 5'- TCCACAACCCTCTCTCACAC |
| | SEQ ID No. 777: | 5'- TTCCACAACCCTCTCTCACA |
| | SEQ ID No. 778: | 5'- ACCCTCTCACACTCTAGT |
| | SEQ ID No. 779: | 5'- GAGCCAGGTTGCCGCCTTCG |
| 30 | SEQ ID No. 780: | 5'- AGGTCAAACCAACTCCCATG |
| | | |

PCT/EP2004/010695

| | SEQ ID No. 781: | 5'- ATGAGCCAGGTTGCCGCCTT |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 782: | 5'- TGAGCCAGGTTGCCGCCTTC |
| | SEQ ID No. 783: | 5'- AGGCTCCTCCACAGGCGACT |
| | SEQ ID No. 784: | 5'- CAGGCTCCTCCACAGGCGAC |
| 5 | SEQ ID No. 785: | 5'- GCAGGCTCCTCCACAGGCGA |
| | SEQ ID No. 786: | 5'- TTCGCTCACCGGCTTAAGGT |
| | SEQ ID No. 787: | 5'- GTTCGCTCACCGGCTTAAGG |
| | SEQ ID No. 788: | 5'- GGTTCGCTCACCGGCTTAAG |
| | SEQ ID No. 789: | 5'- ATTCCACAACCCTCTCTCAC |
| 10 | SEQ ID No. 790: | 5'- TGACCCGACCGTGGTCGGCT |
| | SEQ ID No. 791: | 5'- CCCTCTCTCACACTCTAGTC |
| | SEQ ID No. 792: | 5'- GAATTCCACAACCCTCTCTC |
| | SEQ ID No. 793: | 5'- AGCCAGGTTGCCGCCTTCGC |
| | SEQ ID No. 794: | 5'- GCCAGGTTGCCGCCTTCGCC |
| 15 | SEQ ID No. 795: | 5'- GGAATTCCACAACCCTCTCT |
| | SEQ ID No. 796: | 5'- GGGAATTCCACAACCCTCTC |
| | SEQ ID No. 797: | 5'- AACGCAGGCTCCTCCACAGG |
| | SEQ ID No. 798: | 5'- CGGCTTAAGGTCAAACCAAC |
| | SEQ ID No. 799: | 5'- CCGGCTTAAGGTCAAACCAA |
| 20 | SEQ ID No800:- | 5'- CACCGGCTTAAGGTCAAACC |
| | SEQ ID No. 801: | 5'- ACCGGCTTAAGGTCAAACCA |
| | SEQ ID No. 802: | 5'- ACCCAACATCCAGCACACAT |
| | SEQ ID No. 803: | 5'- TCGCTGACCCGACCGTGGTC |
| | SEQ ID No. 804: | 5'- CGCTGACCCGACCGTGGTCG |
| 25 | SEQ ID No. 805: | 5'- GACCCGACCGTGGTCGGCTG |
| | SEQ ID No. 806: | 5'- GCTGACCCGACCGTGGTCGG |
| | SEQ ID No. 807: | 5'- CTGACCCGACCGTGGTCGGC |
| | SEQ ID No. 808: | 5'- CAGGCGACTTGCGCCTTTGA |
| | SEQ ID No. 809: | 5'- TCATGCGGTATTAGCTCCAG |
| 30 | SEQ ID No. 810: | 5'- ACTAGCTAATCGAACGCAGG |
| | | |

- 105 -

| | SEQ ID No. 811: | 5'- CATGCGGTATTAGCTCCAGT |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 812: | 5'- CGCAGGCTCCTCCACAGGCG |
| | SEQ ID No. 813: | 5'- ACGCAGGCTCCTCCACAGGC |
| | SEQ ID No. 814: | 5'- CTCAGGTGTCATGCGGTATT |
| 5 | SEQ ID No. 815: | 5'- CGCCTTTGACCCTCAGGTGT |
| | SEQ ID No. 816: | 5'- ACCCTCAGGTGTCATGCGGT |
| | SEQ ID No. 817: | 5'- CCTCAGGTGTCATGCGGTAT |
| | SEQ ID No. 818: | 5'- TTTGACCCTCAGGTGTCATG |
| | SEQ ID No. 819: | 5'- GACCCTCAGGTGTCATGCGG |
| 10 | SEQ ID No. 820: | 5'- TGACCCTCAGGTGTCATGCG |
| | SEQ ID No. 821: | 5'- GCCTTTGACCCTCAGGTGTC |
| | SEQ ID No. 822: | 5'- TTGACCCTCAGGTGTCATGC |
| | SEQ ID No. 823: | 5'- CCCTCAGGTGTCATGCGGTA |
| | SEQ ID No. 824: | 5'- CCTTTGACCCTCAGGTGTCA |
| 15 | SEQ ID No. 825: | 5'- CTTTGACCCTCAGGTGTCAT |
| | SEQ ID No. 826: | 5'- AGTTATCCCCCACCCATGGA |
| | SEQ ID No. 827: | 5'- CCAGCTATCGATCATCGCCT |
| | SEQ ID No. 828: | 5'- ACCAGCTATCGATCATCGCC |
| | SEQ ID No. 829: | 5'- CAGCTATCGATCATCGCCTT |
| 20 | SEQ-ID No. 830: | 5'- AGCTATCGATCATCGCCTTG |
| | SEQ ID No. 831: | 5'- GCTATCGATCATCGCCTTGG |
| | SEQ ID No. 832: | 5'- CTATCGATCATCGCCTTGGT |
| | SEQ ID No. 833: | 5'- TTCGTGCGACTTGCATGTGT |
| | SEQ ID No. 834: | 5'- TCGATCATCGCCTTGGTAGG |
| 25 | SEQ ID No. 835: | 5'- ATCGATCATCGCCTTGGTAG |
| | SEQ ID No. 836: | 5'- CACAGGCGACTTGCGCCTTT |
| | SEQ ID No. 837: | 5'- CCACAGGCGACTTGCGCCTT |
| | SEQ ID No. 838: | 5'- TCCACAGGCGACTTGCGCCT |
| | SEQ ID No. 839: | 5'- TCCTCCACAGGCGACTTGCG |
| 30 | SEQ ID No. 840: | 5'- CCTCCACAGGCGACTTGCGC |

- 106 -

| | SEQ ID No. 841: | 5'- CTCCACAGGCGACTTGCGCC |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 842: | 5'- ACAGGCGACTTGCGCCTTTG |
| | SEQ ID No. 843: | 5'- AGCCCCGGTTTCCCGGCGTT |
| | SEQ ID No. 844: | 5'- CGCCTTTCCTTTTTCCTCCA |
| 5 | SEQ ID No. 845: | 5'- GCCCCGGTTTCCCGGCGTTA |
| | SEQ ID No. 846: | 5'- GCCGCCTTTCCTTTTTCCTC |
| | SEQ ID No. 847: | 5'- TAGCCCCGGTTTCCCGGCGT |
| | SEQ ID No. 848: | 5'- CCGGGTACCGTCAAGGCGCC |
| | SEQ ID No. 849: | 5'- AAGCCGCCTTTCCTTTTTCC |
| 10 | SEQ ID No. 850: | 5'- CCCCGGTTTCCCGGCGTTAT |
| | SEQ ID No. 851: | 5'- CCGGCGTTATCCCAGTCTTA |
| | SEQ ID No. 852: | 5'- AGCCGCCTTTCCTTTTCCT |
| | SEQ ID No. 853: | 5'- CCGCCTTTCCTTTTTCCTCC |
| | SEQ ID No. 854: | 5'- TTAGCCCCGGTTTCCCGGCG |
| 15 | SEQ ID No. 855: | 5'- CCCGGCGTTATCCCAGTCTT |
| | SEQ ID No. 856: | 5'- GCCGGGTACCGTCAAGGCGC |
| | SEQ ID No. 857: | 5'- GGCCGGGTACCGTCAAGGCG |
| | SEQ ID No. 858: | 5'- TCCCGGCGTTATCCCAGTCT |
| | SEQ ID No. 859: | 5'- TGGCCGGGTACCGTCAAGGC |
| 20 | SEQ ID No. 860: | 5'-GAAGCCGCCTTTCCTTTTC- |
| | SEQ ID No. 861: | 5'- CCCGGTTTCCCGGCGTTATC |
| | SEQ ID No. 862: | 5'- CGGCGTTATCCCAGTCTTAC |
| | SEQ ID No. 863: | 5'- GGCGTTATCCCAGTCTTACA |
| | SEQ ID No. 864: | 5'- GCGTTATCCCAGTCTTACAG |
| 25 | SEQ ID No. 865: | 5'- CGGGTACCGTCAAGGCGCCG |
| | SEQ ID No. 866: | 5'- ATTAGCCCCGGTTTCCCGGC |
| | SEQ ID No. 867: | 5'- AAGGGGAAGGCCCTGTCTCC |
| | SEQ ID No. 868: | 5'- GGCCCTGTCTCCAGGGAGGT |
| | SEQ ID No. 869: | 5'- AGGCCCTGTCTCCAGGGAGG |
| 30 | SEQ ID No. 870: | 5'- AAGGCCCTGTCTCCAGGGAG |

| | SEQ ID No. 871: | 5'- GCCCTGTCTCCAGGGAGGTC |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 872: | 5'- CGTTATCCCAGTCTTACAGG |
| | SEQ ID No. 873: | 5'- GGGTACCGTCAAGGCGCCGC |
| | SEQ ID No. 874: | 5'- CGGCAACAGAGTTTTACGAC |
| 5 | SEQ ID No. 875: | 5'- GGGGAAGGCCCTGTCTCCAG |
| | SEQ ID No. 876: | 5'- AGGGGAAGGCCCTGTCTCCA |
| | SEQ ID No. 877: | 5'- GCAGCCGAAGCCGCCTTTCC |
| | SEQ ID No. 878: | 5'- TTCTTCCCCGGCAACAGAGT |
| | SEQ ID No. 879: | 5'- CGGCACTTGTTCTTCCCCGG |
| 10 | SEQ ID No. 880: | 5'- GTTCTTCCCCGGCAACAGAG |
| | SEQ ID No. 881: | 5'- GGCACTTGTTCTTCCCCGGC |
| | SEQ ID No. 882: | 5'- GCACTTGTTCTTCCCCGGCA |
| | SEQ ID No. 883: | 5'- CACTTGTTCTTCCCCGGCAA |
| | SEQ ID No. 884: | 5'- TCTTCCCCGGCAACAGAGTT |
| 15 | SEQ ID No. 885: | 5'- TTGTTCTTCCCCGGCAACAG |
| | SEQ ID No. 886: | 5'- ACTTGTTCTTCCCCGGCAAC |
| | SEQ ID No. 887: | 5'- TGTTCTTCCCCGGCAACAGA |
| | SEQ ID No. 888: | 5'- CTTGTTCTTCCCCGGCAACA |
| | SEQ ID No. 889: | 5'- ACGGCACTTGTTCTTCCCCG |
| 20 | SEQ ID No. 890: | 5' GTCCGCCGCTAACCTTTTAA |
| | SEQ ID No. 891: | 5'- CTGGCCGGGTACCGTCAAGG |
| | SEQ ID No. 892: | 5'- TCTGGCCGGGTACCGTCAAG |
| | SEQ ID No. 893: | 5'- TTCTGGCCGGGTACCGTCAA |
| | SEQ ID No. 894: | 5'- CAATGCTGGCAACTAAGGTC |
| 25 | SEQ ID No. 895: | 5'- CGTCCGCCGCTAACCTTTTA |
| | SEQ ID No. 896: | 5'- CGAAGCCGCCTTTCCTTTTT |
| | SEQ ID No. 897: | 5'- CCGAAGCCGCCTTTCCTTTT |
| | SEQ ID No. 898: | 5'- GCCGAAGCCGCCTTTCCTTT |
| | SEQ ID No. 899: | 5'- AGCCGAAGCCGCCTTTCCTT |
| 30 | SEQ ID No. 900: | 5'- ACCGTCAAGGCGCCGCCCTG |
| | | |

- 108 -

| | SEQ ID No. 901: | 5'- CCGTGGCTTTCTGGCCGGGT |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 902: | 5'- GCTTTCTGGCCGGGTACCGT |
| | SEQ ID No. 903: | 5'- GCCGTGGCTTTCTGGCCGGG |
| | SEQ ID No. 904: | 5'- GGCTTTCTGGCCGGGTACCG |
| 5 | SEQ ID No. 905: | 5'- CTTTCTGGCCGGGTACCGTC |
| | SEQ ID No. 906: | 5'- TGGCTTTCTGGCCGGGTACC |
| | SEQ ID No. 907: | 5'- GTGGCTTTCTGGCCGGGTAC |
| | SEQ ID No. 908: | 5'- CGTGGCTTTCTGGCCGGGTA |
| | SEQ ID No. 909: | 5'- TTTCTGGCCGGGTACCGTCA |
| 10 | SEQ ID No. 910: | 5'- GGGAAGGCCCTGTCTCCAGG |
| | SEQ ID No. 911: | 5'- CGAAGGGGAAGGCCCTGTCT |
| | SEQ ID No. 912: | 5'- CCGAAGGGGAAGGCCCTGTC |
| | SEQ ID No. 913: | 5'- GAAGGGGAAGGCCCTGTCTC |
| | SEQ ID No. 914: | 5'- GGCGCCGCCCTGTTCGAACG |
| 15 | SEQ ID No. 915: | 5'- AGGCGCCGCCCTGTTCGAAC |
| | SEQ ID No. 916: | 5'- AAGGCGCCGCCCTGTTCGAA |
| | SEQ ID No. 917: | 5'- CCCGGCAACAGAGTTTTACG |
| | SEQ ID No. 918: | 5'- CCCCGGCAACAGAGTTTTAC |
| | SEQ ID No. 919: | 5'- CCATCTGTAAGTGGCAGCCG |
| 20 | SEQ ID No. 920: | 5'- TCTGTAAGTGGCAGCCGAAG |
| | SEQ ID No. 921: | 5'- CTGTAAGTGGCAGCCGAAGC |
| | SEQ ID No. 922: | 5'- CCCATCTGTAAGTGGCAGCC |
| | SEQ ID No. 923: | 5'- TGTAAGTGGCAGCCGAAGCC |
| | SEQ ID No. 924: | 5'- CATCTGTAAGTGGCAGCCGA |
| 25 | SEQ ID No. 925: | 5'- ATCTGTAAGTGGCAGCCGAA |
| | SEQ ID No. 926: | 5'- CAGCCGAAGCCGCCTTTCCT |
| | SEQ ID No. 927: | 5'- GGCAACAGAGTTTTACGACC |
| | SEQ ID No. 928: | 5'- CCGGCAACAGAGTTTTACGA |
| | SEQ ID No. 929: | 5'- TTCCCCGGCAACAGAGTTTT |
| 30 | SEQ ID No. 930: | 5'- CTTCCCCGGCAACAGAGTTT |
| | | |

- 109 -

| | SEQ ID No. 931: | 5'- TCCCCGGCAACAGAGTTTTA |
|----|-----------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 932: | 5'- CCGTCCGCCGCTAACCTTTT |
| | SEQ ID No. 933: | 5'- CTTCCTCCGACTTACGCCGG |
| | SEQ ID No. 934: | 5'- CCTCCGACTTACGCCGGCAG |
| 5 | SEQ ID No. 935: | 5'- TTCCTCCGACTTACGCCGGC |
| | SEQ ID No. 936: | 5'- TCCTCCGACTTACGCCGGCA |
| | SEQ ID No. 937: | 5'- TCCGACTTACGCCGGCAGTC |
| | SEQ ID No. 938: | 5'- CCGACTTACGCCGGCAGTCA |
| | SEQ ID No. 939: | 5'- GCCTTCCTCCGACTTACGCC |
| 10 | SEQ ID No. 940: | 5'- CCTTCCTCCGACTTACGCCG |
| | SEQ ID No. 941: | 5'- GCTCTCCCCGAGCAACAGAG |
| | SEQ ID No. 942: | 5'- CTCTCCCCGAGCAACAGAGC |
| | SEQ ID No. 943: | 5'- CGCTCTCCCCGAGCAACAGA |
| | SEQ ID No. 944: | 5'- CTCCGACTTACGCCGGCAGT |
| 15 | SEQ ID No. 945: | 5'- TCTCCCCGAGCAACAGAGCT |
| | SEQ ID No. 946: | 5'- CGACTTACGCCGGCAGTCAC |
| | SEQ ID No. 947: | 5'- TCGGCACTGGGGTGTGTCCC |
| | SEQ ID No. 948: | 5'- GGCACTGGGGTGTGTCCCCC |
| | SEQ ID No. 949: | 5'- CTGGGGTGTGTCCCCCCAAC |
| 20 | SEQ ID No. 950; | _5'-CACTGGGGTGTGTCCCCCA |
| | SEQ ID No. 951: | 5'- ACTGGGGTGTGTCCCCCAA |
| | SEQ ID No. 952: | 5'- GCACTGGGGTGTGTCCCCCC |
| | SEQ ID No. 953: | 5'- TGGGGTGTGTCCCCCCAACA |
| | SEQ ID No. 954: | 5'- CACTCCAGACTTGCTCGACC |
| 25 | SEQ ID No. 955: | 5'- TCACTCCAGACTTGCTCGAC |
| | SEQ ID No. 956: | 5'- CGGCACTGGGGTGTGTCCCC |
| | SEQ ID No. 957: | 5'- CGCCTTCCTCCGACTTACGC |
| | SEQ ID No. 958: | 5'- CTCCCCGAGCAACAGAGCTT |
| | SEQ ID No. 959: | 5'- ACTCCAGACTTGCTCGACCG |
| 30 | SEQ ID No. 960: | 5'- CCCATGCCGCTCTCCCCGAG |
| | | |

- 110 -

| | SEQ ID No. 961: | 5'- CCATGCCGCTCTCCCCGAGC |
|----|------------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 962: | 5'- CCCCATGCCGCTCTCCCCGA |
| | SEQ ID No. 963: | 5'- TCACTCGGTACCGTCTCGCA |
| | SEQ ID No. 964: | 5'- CATGCCGCTCTCCCCGAGCA |
| 5 | SEQ ID No. 965: | 5'- ATGCCGCTCTCCCCGAGCAA |
| | SEQ ID No. 966: | 5'- TTCGGCACTGGGGTGTGTCC |
| | SEQ ID No. 967: | 5'- TGCCGCTCTCCCCGAGCAAC |
| | SEQ ID No. 968: | 5'- TTCACTCCAGACTTGCTCGA |
| | SEQ ID No. 969: | 5'- CCCGCAAGAAGATGCCTCCT |
| 10 | SEQ ID No. 970: | 5'- AGAAGATGCCTCCTCGCGGG |
| | SEQ ID No. 971: | 5'- AAGAAGATGCCTCCTCGCGG |
| | SEQ ID No. 972: | 5'- CGCAAGAAGATGCCTCCTCG |
| | SEQ ID No. 973: | 5'- AAGATGCCTCCTCGCGGGCG |
| | SEQ ID No. 974: | 5'- CCGCAAGAAGATGCCTCCTC |
| 15 | SEQ ID No. 975: | 5'- GAAGATGCCTCCTCGCGGGC |
| | SEQ ID No. 976: | 5'- CCCCGCAAGAAGATGCCTCC |
| | SEQ ID No. 977: | 5'- CAAGAAGATGCCTCCTCGCG |
| | SEQ ID No. 978: | 5'-TCCTTCGGCACTGGGGTGTG |
| | SEQ ID No. 979: | 5'- CCGCTCTCCCCGAGCAACAG |
| 20 | SEQ ID No. 980: | 5'TGCCTCCTCGCGGGCGTATC |
| | SEQ ID No. 981: | 5'- GACTTACGCCGGCAGTCACC |
| | SEQ ID No. 982: | 5'- GGCTCCTCTCTCAGCGGCCC |
| | SEQ ID No. 983: | 5'- CCTTCGGCACTGGGGTGTGT |
| | SEQ ID No. 984: | 5'- GGGGTGTGTCCCCCCAACAC |
| 25 | SEQ ID No. 985: | 5'- GCCGCTCTCCCCGAGCAACA |
| | SEQ ID No. 986: | 5'- AGATGCCTCCTCGCGGGCGT |
| | SEQ ID No. 987: | 5'- CACTCGGTACCGTCTCGCAT |
| | SEQ ID No. 988: | 5'- CTCACTCGGTACCGTCTCGC |
| | SEQ ID No. 989: | 5'- GCAAGAAGATGCCTCCTCGC |
| 30 | SEQ ID No. 990:- | 5'- CTCCAGACTTGCTCGACCGC |
| | | |

- 111 -

| | SEQ ID No. 991: | 5'- TTACGCCGGCAGTCACCTGT |
|----|------------------|---------------------------|
| | SEQ ID No. 992: | 5'- CTTCGGCACTGGGGTGTGTC |
| | SEQ ID No. 993: | 5'- CTCGCGGGCGTATCCGGCAT |
| | SEQ ID No. 994: | 5'- GCCTCCTCGCGGGCGTATCC |
| 5 | SEQ ID No. 995: | 5'- ACTCGGTACCGTCTCGCATG |
| | SEQ ID No. 996: | 5'- GATGCCTCCTCGCGGGCGŤA |
| | SEQ ID No. 997: | 5'- GGGTGTGTCCCCCCAACACC |
| | SEQ ID No. 998: | 5'- ACTTACGCCGGCAGTCACCT |
| | SEQ ID No. 999: | 5'- CTTACGCCGGCAGTCACCTG |
| 10 | SEQ ID No. 1000: | 5'- ATGCCTCCTCGCGGGCGTAT |
| | SEQ ID No. 1001: | 5'- GCGCCGCGGGCTCCTCTC |
| | SEQ ID No. 1002: | 5'- GGTGTGTCCCCCCAACACCT |
| | SEQ ID No. 1003: | 5'- GTGTGTCCCCCCAACACCTA |
| | SEQ ID No. 1004: | 5'- CCTCGCGGGCGTATCCGGCA |
| 15 | SEQ ID No. 1005: | 5'- CCTCACTCGGTACCGTCTCG |
| | SEQ ID No. 1006: | 5'- TCCTCACTCGGTACCGTCTC |
| | SEQ ID No. 1007: | 5'- TCGCGGGCGTATCCGGCATT |
| | SEQ ID No. 1008: | 5'-TTTCACTCCAGACTTGCTCG |
| | SEQ ID No. 1009: | 5'- TACGCCGGCAGTCACCTGTG |
| 20 | SEQ ID No. 1010: | 5'- TCCAGACTTGCTCGACCGCC |
| | SEQ ID No. 1011: | 5'- CTCGGTACCGTCTCGCATGG |
| | SEQ ID No. 1012: | 5'- CGCGGGCGTATCCGGCATTA |
| | SEQ ID No. 1013: | 5'- GCGTATCCGGCATTAGCGCC |
| | SEQ ID No. 1014: | 5'- GGGCTCCTCTCAGCGGCC |
| 25 | SEQ ID No. 1015: | 5'- TCCCCGAGCAACAGAGCTTT |
| | SEQ ID No. 1016: | 5'- CCCCGAGCAACAGAGCTTTA |
| | SEQ ID No. 1017: | 5'- CCGAGCAACAGAGCTTTACA |
| | SEQ ID No. 1018: | 5'- CCATCCCATGGTTGAGCCAT |
| | SEQ ID No. 1019: | 5'- GTGTCCCCCAACACCTAGC |
| 30 | SEQ ID No. 1020: | -5'- GCGGGCGTATCCGGCATTAG |

WO 2005/031004

| | SEQ ID No. 1021: | 5'- CGAGCGGCTTTTTGGGTTTC |
|----|--------------------|--------------------------|
| | SEQ ID No. 1022: | 5'- CTTTCACTCCAGACTTGCTC |
| | SEQ ID No. 1023: | 5'- TTCCTTCGGCACTGGGGTGT |
| | SEQ ID No. 1024: | 5'- CCGCCTTCCTCCGACTTACG |
| 5 | SEQ ID No. 1025: | 5'- CCCGCCTTCCTCCGACTTAC |
| | SEQ ID No. 1026: | 5'- CCTCCTCGCGGGCGTATCCG |
| | SEQ ID No. 1027: | 5'- TCCTCGCGGGCGTATCCGGC |
| | SEQ ID No. 1028: | 5'- CATTAGCGCCCGTTTCCGGG |
| | SEQ ID No. 1029: | 5'- GCATTAGCGCCCGTTTCCGG |
| 10 | SEQ ID No. 1030: | 5'- GGCATTAGCGCCCGTTTCCG |
| | SEQ ID No. 1031: | 5'- GTCTCGCATGGGGCTTTCCA |
| | SEQ ID No. 1032: | 5'- GCCATGGACTTTCACTCCAG |
| | SEQ ID No. 1033: | 5'- CATGGACTTTCACTCCAGAC |
| | SEQ ID No. 1037: | 5'- ACCGTCTCACAAGGAGCTTT |
| 15 | SEQ ID No. 1038: | 5'- TACCGTCTCACAAGGAGCTT |
| | SEQ ID No. 1039: | 5'- GTACCGTCTCACAAGGAGCT |
| | SEQ ID No. 1040: | 5'- GCCTACCCGTGTATTATCCG |
| | SEQ ID No. 1041: | 5'- CCGTCTCACAAGGAGCTTTC |
| | SEQ ID No. 1042: | 5'- CTACCCGTGTATTATCCGGC |
| 20 | SEQ ID No. 1043: | 5'- GGTACCGTCTCACAAGGAGC |
| | SEQ ID No. 1044: | 5'- CGTCTCACAAGGAGCTTTCC |
| | SEQ ID No. 1045: | 5'- TCTCACAAGGAGCTTTCCAC |
| | SEQ ID No. 1046: | 5'- TACCCGTGTATTATCCGGCA |
| | SEQ ID No. 1047: | 5'- GTCTCACAAGGAGCTTTCCA |
| 25 | SEQ ID No. 1048: | 5'- ACCCGTGTATTATCCGGCAT |
| | SEQ ID No. 1049: | 5'- CTCGGTACCGTCTCACAAGG |
| | SEQ ID No. 1050: | 5'- CGGTACCGTCTCACAAGGAG |
| | SEQ ID No. 1051: | 5'- ACTCGGTACCGTCTCACAAG |
| | SEQ ID No. 1052: | 5'- CGGCTGGCTCCATAACGGTT |
| 30 | SEQ ID No. 1053: - | - 5'ACAAGTAGATGCCTACCCGT |
| | | |

| | CEO ID No. 1054. | 5'- TGGCTCCATAACGGTTACCT |
|----|--------------------|---------------------------|
| | SEQ ID No. 1054: | |
| | SEQ ID No. 1055: | 5'- CAAGTAGATGCCTACCCGTG |
| | SEQ ID No. 1056: | 5'- CACAAGTAGATGCCTACCCG |
| | SEQ ID No. 1057: | 5'- GGCTCCATAACGGTTACCTC |
| 5 | SEQ'ID No. 1058: | 5'- ACACAAGTAGATGCCTACCC |
| | SEQ ID No. 1059: | 5'- CTGGCTCCATAACGGTTACC |
| | SEQ ID No. 1060: | 5'- GCTGGCTCCATAACGGTTAC |
| | SEQ ID No. 1061: | 5'- GGCTGGCTCCATAACGGTTA |
| | SEQ ID No. 1062: | 5'- GCTCCATAACGGTTACCTCA |
| 10 | SEQ ID No. 1063: | 5'- AAGTAGATGCCTACCCGTGT |
| | SEQ ID No. 1064: | 5'- CTCCATAACGGTTACCTCAC |
| | SEQ ID No. 1065: | 5'- TGCCTACCCGTGTATTATCC |
| | SEQ ID No. 1066: | 5'- TCGGTACCGTCTCACAAGGA |
| | SEQ ID No. 1067: | 5'- CTCACAAGGAGCTTTCCACT |
| 15 | SEQ ID No. 1068: | 5'- GTAGATGCCTACCCGTGTAT |
| | SEQ ID No. 1069: | 5'- CCTACCCGTGTATTATCCGG |
| | SEQ ID No. 1070: | 5'- CACTCGGTACCGTCTCACAA |
| 4 | SEQ ID No. 1071: | 5'- CTCAGCGATGCAGTTGCATC |
| | SEQ ID No. 1072: | 5'- AGTAGATGCCTACCCGTGTA |
| 20 | -SEQ-ID-No. 1073:- | 5'- GCGGCTGGGTCCATAACGGT |
| | SEQ ID No. 1074: | 5'- CCAAAGCAATCCCAAGGTTG |
| | SEQ ID No. 1075: | 5'- TCCATAACGGTTACCTCACC |
| | SEQ ID No. 1076: | -5'- CCCGTGTATTATCCGGCATT |
| | SEQ ID No. 1077: | 5'- TCTCAGCGATGCAGTTGCAT |
| 25 | SEQ ID No. 1078: | 5'- CCATAACGGTTACCTCACCG |
| | SEQ ID No. 1079: | 5'- TCAGCGATGCAGTTGCATCT |
| | SEQ ID No. 1080: | 5'- GGCGGCTGGCTCCATAACGG |
| | SEQ ID No. 1081: | 5'- AAGCAATCCCAAGGTTGAGC |
| | SEQ ID No. 1082: | 5'- TCACTCGGTACCGTCTCACA |
| 30 | SEQ ID No. 1083: | 5'- CCGAGTGTTATTCCAGTCTG |
| | | |

| | SEQ ID No. 1084: | 5'- CACAAGGAGCTTTCCACTCT |
|----|------------------|---------------------------|
| | SEQ ID No. 1085: | 5'- ACAAGGAGCTTTCCACTCTC |
| | SEQ ID No. 1086: | 5'- TCACAAGGAGCTTTCCACTC |
| | SEQ ID No. 1087: | 5'- CAGCGATGCAGTTGCATCTT |
| 5 | SEQ ID No. 1088: | 5'- CAAGGAGCTTTCCACTCTCC |
| | SEQ ID No. 1089: | 5'- CCAGTCTGAAAGGCAGATTG |
| | SEQ ID No. 1090: | 5'- CAGTCTGAAAGGCAGATTGC |
| | SEQ ID No. 1091: | 5'- CGGCGGCTGGCTCCATAACG |
| | SEQ ID No. 1092: | 5'- CCTCTCTCAGCGATGCAGTT |
| 10 | SEQ ID No. 1093: | 5'- CTCTCTCAGCGATGCAGTTG |
| | SEQ ID No. 1094: | 5'- TCTCTCAGCGATGCAGTTGC |
| | SEQ ID No. 1095: | 5'- CTCTCAGCGATGCAGTTGCA |
| | SEQ ID No. 1096: | 5'- CAATCCCAAGGTTGAGCCTT |
| | SEQ ID No. 1097: | 5'- AATCCCAAGGTTGAGCCTTG |
| 15 | SEQ ID No. 1098: | 5'- AGCAATCCCAAGGTTGAGCC |
| | SEQ ID No. 1099: | 5'- CTCACTCGGTACCGTCTCAC |
| | SEQ ID No. 1100: | 5'- GCAATCCCAAGGTTGAGCCT |
| | SEQ ID No. 1101: | 5'- GCCTTGGACTTTCACTTCAG |
| | SEQ ID No. 1102: | 5'- CATAACGGTTACCTCACCGA |
| 20 | SEQ ID No1103: - | -5'-CTCCTCTCTCAGCGATGCAG- |
| | SEQ ID No. 1104: | 5'- TCGGCGGCTGGCTCCATAAC |
| | SEQ ID No. 1105: | 5'- AGTCTGAAAGGCAGATTGCC |
| | SEQ ID No. 1106: | 5'- TCCTCTCTCAGCGATGCAGT |
| | SEQ ID No. 1107: | 5'- CCCAAGGTTGAGCCTTGGAC |
| 25 | SEQ ID No. 1108: | 5'- ATAACGGTTACCTCACCGAC |
| | SEQ ID No. 1109: | 5'- TCCCAAGGTTGAGCCTTGGA |
| | SEQ ID No. 1110: | 5'- ATTATCCGGCATTAGCACCC |
| | SEQ ID No. 1111: | 5'- CTACGTGCTGGTAACACAGA |
| | SEQ ID No. 1112: | 5'- GCCGCTAGCCCCGAAGGGCT |
| 30 | SEQ ID No. 1113: | 5'- CTAGECCCGAAGGGCTCGCT |
| | | |

| | SEQ ID No. 1114: | 5'- CGCTAGCCCCGAAGGGCTCG |
|----|--------------------|------------------------------|
| | SEQ ID No. 1115: | 5'- AGCCCCGAAGGGCTCGCTCG |
| | SEQ ID No. 1116: | 5'- CCGCTAGCCCCGAAGGGCTC |
| | SEQ ID No. 1117: | 5'- TAGCCCCGAAGGGCTCGCTC |
| 5 | SEQ ID No. 1118: | 5'- GCTAGCCCCGAAGGGCTCGC |
| | SEQ ID No. 1119: | 5'- GCCCGAAGGGCTCGCTCGA |
| | SEQ ID No. 1120: | 5'- ATCCCAAGGTTGAGCCTTGG |
| | SEQ ID No. 1121: | 5'- GAGCCTTGGACTTTCACTTC |
| | SEQ ID No. 1122: | 5'- CAAGGTTGAGCCTTGGACTT |
| 10 | SEQ ID No. 1123: | 5'- GAGCTTTCCACTCTCCTTGT |
| | SEQ ID No. 1124: | 5'- CCAAGGTTGAGCCTTGGACT |
| | SEQ ID No. 1125: | 5'- CGGGCTCCTCTCTCAGCGAT |
| | SEQ ID No. 1126: | 5'- GGAGCTTTCCACTCTCCTTG |
| | SEQ ID No. 1127: | 5'- GGGCTCCTCTCTCAGCGATG |
| 15 | SEQ ID No. 1128: | 5'- TCTCCTTGTCGCTCTCCCCG |
| | SEQ ID No. 1129: | 5'- TCCTTGTCGCTCTCCCCGAG |
| | SEQ ID No. 1130: | 5'- AGCTTTCCACTCTCCTTGTC |
| | SEQ ID No. 1131: | 5'- CCACTCTCCTTGTCGCTCTC |
| | SEQ ID No. 1132: | 5'- GGCTCCTCTCTCAGCGATGC |
| 20 | SEQ ID No. 1133: | 5'- CCTTGTCGCTCTCCCCGAGC |
| | SEQ ID No. 1134: | 5'- CACTCTCCTTGTCGCTCTCC |
| | SEQ ID No. 1135: - | 5'- ACTCTCCTTGTCGCTCTCCC |
| | SEQ ID No. 1136: | 5'- CTCTCCTTGTCGCTCTCCCC |
| | SEQ ID No. 1137: | 5'- GCGGGCTCCTCTCTCAGCGA |
| 25 | SEQ ID No. 1138: | 5'- GGCTCCATCATGGTTACCTC |
| | SEQ ID No. 1142: | 5'- CTTCCTCCGGCTTGCGCCGG |
| | SEQ ID No. 1143: | 5'- CGCTCTTCCCGA(G/T)TGACTGA |
| | SEQ ID No. 1144: | 5'- CCTCGGGCTCCTCCATC(A/T)GC |
| | | |

- 2. Verfahren nach Anspruch 1, wobei getränkeschädliche Mikroorganismen der Gattung Zygosaccharomyces mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 1 nachgewiesen werden.
- 5 3. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus Zygosaccharomyces bailii mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 5 bis SEQ ID No. 21, nachgewiesen wird.
- 4. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus Zygosaccharomyces fermentati mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 22 nachgewiesen wird.
- Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche
 Mikroorganismus Zygosaccharomyces microellipsoides mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 23 bis SEQ ID No. 24, nachgewiesen wird.
- 6. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche
 20 Mikroorganismus Zygosaccharomyces-mellis mittels-mindestens einer
 Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 25 bis
 SEQ ID No. 75, nachgewiesen wird.
- Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche
 Mikroorganismus Zygosaccharomyces rouxii mittels mindestens einer
 Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 76 bis SEQ ID No. 126, nachgewiesen wird.

- 117 -

- 8. Verfahren nach Anspruch 1, wobei die getränkeschädlichen Mikroorganismen Zygosaccharomyces mellis und Zygosaccharomyces rouxii gleichzeitig mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 127 nachgewiesen werden.
- 9. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus Zygosaccharomyces bisporus mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 128 bis SEQ ID No. 142, nachgewiesen wird.
- 10 10. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus Hanseniaspora uvarum mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 143 und SEQ ID No. 144, nachgewiesen wird.
- 15 11. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus Candida intermedia mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 145 und SEQ ID No. 146, nachgewiesen wird.
- 20 12. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus Candida parapsilosis mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 148 nachgewiesen wird.
- 13. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche
 25 Mikroorganismus Candida crusei (Issatchenkia orientalis) mittels der
 Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 149 nachgewiesen wird.

30

14. Verfahren nach Anspruch 1, wobei die getränkeschädlichen Mikroorganismen Brettanomyces (Dekkera) anomala und Dekkera bruxellensis gleichzeitig mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 150 nachgewiesen werden.

- 118 -

15. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Brettanomyces* (*Dekkera*) *bruxellensis* mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 151 nachgewiesen wird.

5

- 16. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Brettanomyces (Dekkera) naardenensis* mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 152 nachgewiesen wird.
- 10 17. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Pichia membranaefaciens* mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 153 nachgewiesen wird.
- 18. Verfahren nach Anspruch 1, wobei die getränkeschädlichen
 15 Mikroorganismen *Pichia minuta* und *Pichia anomala* gleichzeitig mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 154 nachgewiesen werden.
- 19. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche
 Mikroorganismus Saccharomyces exiguus mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID
 20 No. 157 nachgewiesen wird.
- 20. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche
 Mikroorganismus Saccharomycodes ludwigii mittels mindestens einer
 Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 158 und
 SEQ ID No. 159, nachgewiesen wird.
 - 21. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Saccharomyces cerevisiae* mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 160 nachgewiesen wird.

- 119 -

- 22. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Mucor racemosus* mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 163 nachgewiesen wird.
- 5 23. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Byssochlamys nivea* mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 164 nachgewiesen wird.
- 24. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche
 Mikroorganismus Neosartorya fischeri mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No.
 165 nachgewiesen wird.
- 25. Verfahren nach Anspruch 1, wobei die getränkeschädlichen
 Mikroorganismen Aspergillus fumigatus und A. fischeri gleichzeitig mittels der
 Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 166 nachgewiesen werden.
 - 26. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Talaromyces flavus* mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 167 nachgewiesen wird.

20

٠.

- 27. Verfahren nach Anspruch 1, wobei die getränkeschädlichen Mikroorganismen *Talaromyces bacillisporus* und *T. flavus* gleichzeitig mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 168 nachgewiesen werden.
- 28. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Lactobacillus collinoides* mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 169 bis SEQ ID No. 269, nachgewiesen wird.

- 120 -

29. Verfahren nach Anspruch 1, wobei getränkeschädliche Mikroorganismen der Gattung Leuconostoc mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 270 bis SEQ ID No. 271, nachgewiesen werden.

5

30. Verfahren nach Anspruch 1, wobei die getränkeschädlichen Mikroorganismen Leuconostoc mesenteroides und L. pseudomesenteroides gleichzeitig mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 272 bis SEQ ID No. 301, nachgewiesen werden.

10

31. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Leuconostoc pseudomesenteroides* mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 302 bis SEQ ID No. 341, nachgewiesen wird.

15

32. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Oenococcus oeni* mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 342 bis SEQ ID No. 444, nachgewiesen wird.

20

33. Verfahren nach Anspruch 1, wobei getränkeschädliche Mikroorganismen der Gattung Weissella mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 445 bis SEQ ID No. 495, nachgewiesen werden.

25

34. Verfahren nach Anspruch 1, wobei getränkeschädliche Mikroorganismen der Gattung Lactococcus mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 496 bis SEQ ID No. 546, nachgewiesen werden.

- 121 -

35. Verfahren nach Anspruch 1, wobei getränkeschädliche Mikroorganismen der Gattungen Acetobacter und Gluconobacter gleichzeitig mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 547 bis SEQ ID No. 608, nachgewiesen werden.

5

10

15

25

30

- 36. Verfahren nach Anspruch 1, wobei getränkeschädliche Mikroorganismen der Gattungen Acetobacter, Gluconobacter und Gluconoacetobacter gleichzeitig mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 609 bis SEQ ID No. 842, nachgewiesen werden.
- 37. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Bacillus coagulans* mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 843 bis SEQ ID No. 932, nachgewiesen wird.
- 38. Verfahren nach Anspruch 1, wobei getränkeschädliche
 Mikroorganismen der Gattung Alicyclobacillus mittels mindestens einer
 Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 933 bis
 SEQ ID No. 1033, nachgewiesen werden.
 - 39. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Alicyclobacillus acidoterrestris* mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 1037 bis SEQ ID No. 1138, nachgewiesen wird.
 - 40. Verfahren nach Anspruch 1, wobei die getränkeschädlichen Mikroorganismen *Alicyclobacillus cycloheptanicus* und *A. herbarius* gleichzeitig mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 1142 bis SEQ ID No. 1144, nachgewiesen werden.

- 122 -

41. Verfahren nach Anspruch 2,

dadurch gekennzeichnet, dass die mindestens eine Oligonukleotidsonde zusammen mit einer oder mehreren Kompetitorsonden verwendet wird.

5

42. Verfahren nach Anspruch 41,

dadurch gekennzeichnet, dass die Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 1 zusammen mit einer oder mehreren Kompetitorsonden, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 2 bis SEQ ID No. 4, verwendet wird.

10

25

30

43. Verfahren nach Anspruch 11,

dadurch gekennzeichnet, dass die mindestens eine Oligonukleotidsonde zusammen mit einer oder mehreren Kompetitorsonden verwendet wird.

15 44. Verfahren nach Anspruch 43,

dadurch gekennzeichnet, dass die Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 146 zusammen mit der Kompetitorsonde SEQ ID No. 147 verwendet wird.

- 45. Verfahren nach Anspruch 18,
- dadurch gekennzeichnet, dass die mindestens eine Oligonukleotidsonde zusammen mit einer oder mehreren Kompetitorsonden verwendet wird.
 - 46. Verfahren nach Anspruch 45,

dadurch gekennzeichnet, dass die Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 154 zusammen mit einer oder mehreren Kompetitorsonden, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 155 bis SEQ ID No. 156, verwendet wird.

47. Verfahren nach Anspruch 21,

dadurch gekennzeichnet, dass die mindestens eine Oligonukleotidsonde zusammen mit einer oder mehreren Kompetitorsonden verwendet wird.

- 123 -

48. Verfahren nach Anspruch 47, dadurch gekennzeichnet, dass die Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 160 zusammen mit einer oder mehreren Kompetitorsonden, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 161 bis SEQ ID No. 162, verwendet wird.

5

10

15

20

49. Verfahren nach Anspruch 38, dadurch gekennzeichnet, dass die mindestens eine Oligonukleotidsonde zusammen mit einer oder mehreren Kompetitorsonden verwendet wird.

50. Verfahren nach Anspruch 49,
dadurch gekennzeichnet, dass die Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 933 zusammen
mit einer oder mehreren Kompetitorsonden, ausgewählt aus der Gruppe bestehend
aus SEQ ID No. 1034 bis SEQ ID No. 1036, verwendet wird.

51. Verfahren nach Anspruch 39, dadurch gekennzeichnet, dass die mindestens eine Oligonukleotidsonde zusammen mit einer oder mehreren Kompetitorsonden verwendet wird.

- 52. Verfahren nach Anspruch 51,—
 dadurch gekennzeichnet, dass die Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 1044
 zusammen mit der Kompetitorsonde SEQ ID No. 1139 verwendet wird.
- 53. Verfahren nach Anspruch 51,
 dadurch gekennzeichnet, dass die Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 1057
 zusammen mit einer oder mehreren Kompetitorsonden, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 1140 und SEQ ID No. 1141, verwendet wird.

- 124 - 1

- 54. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 53, dadurch gekennzeichnet, dass es die folgenden Schritte umfasst:
- a) Kultivieren der in der Probe enthaltenen getränkeschädlichen Mikroorganismen,
- b) Fixieren der in der Probe enthaltenen getränkeschädlichen Mikroorganismen,
- 5 c) Inkubieren der fixierten Mikroorganismen mit mindestens einer Oligonukleotidsonde, ggf. zusammen mit einer Kompetitorsonde,
 - d) Entfernen nicht hybridisierter Oligonukleotidsonden,
 - e) Detektieren und Visualisieren sowie ggf. Quantifizieren der getränkeschädlichen Mikroorganismen mit den hybridisierten Oligonukleotidsonden.

10

- 55. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 54, dadurch gekennzeichnet, dass es sich bei der Probe um eine Probe aus alkoholfreien Getränken handelt.
- 56. Kit zur Durchführung eines Verfahrens nach einem der Ansprüche 1 bis55, enthaltend mindestens ein Oligonukleotid nach Anspruch 1.

10/574717

IAP15 Rec'd PCT/PTO 03 APR 2006

WO 2005/031004

PCT/EP2004/010695

V7588.ST25.txt SEQUENCE LISTING

| <110> | Vermicon AG | |
|----------------------------------|--|----|
| <120> | Method for the specific fast detection of microorganisms which are harmful to beverages $\dot{\ }$ | |
| <130> | V 7588 | |
| <140> <141> | PCT/ 2004-09-23 | |
| <150> <151> | DE 103 44 057.7 2003-09-23 | |
| <160> | 1144 | |
| <170> | PatentIn version 3.3 | |
| <210> <211> <212> <213> | 1 21 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gtttga | 1 ccag attctccgct c | 21 |
| <210> <211> <212> <213> | 2 22 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gtttgad | 2 ccag attttccgct ct | 22 |
| <210> <211> <212> <213> | DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gtttgad | 3 ccaa attttccgct ct | 22 |
| <210> <211> <212> <213> | 4 22 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gtttgto | 4 ccaa attctccgct ct | 22 |
| <210> | 5 | |

| <211> <212> <213> | 18 DNA Artificial | |
|----------------------------------|--------------------------------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> cccggt | 5 cgaa ttaaaacc | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gcccgg | 6 tcga attaaaac | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 7 18 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ggcccg | 7 gtcg aattaaaa | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 8 18 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> aggccc | 8 ggtc gaattaaa | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 9 18 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> aaggcc | 9 cggt cgaattaa | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 10 18 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> | 10 | |

| atatto | gagc gaaacgcc | V7300.3123.EXC | 18 |
|----------------------------------|-------------------------------|----------------|----|
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 11 ccgg accggccg | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ggaaag | 12 patcc ggaccggc | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 13 tccg gaccggcc | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| ~220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gatccg | 14 . gacc ggccgacc | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 15 18 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> agatco | 15 ggac cggccgac | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 16 18 DNA Artificial | | |

| 222 | | V/300.3123.LXL | |
|----------------------------------|-------------------------------|----------------|-------|
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 16 cgga ccggccga | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 17 18 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gaaagg | 17 cccg gtcgaatt | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | DNA | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> aaaggc | 18 ccgg tcgaatta | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 19 18 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ggaaag | 19 gccc ggtcgaat | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | Artificial | | ٠ |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> aggaaa | 20 ggcc cggtcgaa | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 21 18 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> aaggaa | 21 aggc ccggtcga | | 18 |
| <210> | 22 | | |

| | | V | 7588.st | 25.txt | | |
|----------------------------------|-------------------------------|---|---------|--------|--|----|
| <211> <212> <213> | 20 DNA Artificial | | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | | |
| <400> atagca | 22 ctgg gatcctcgcc | | | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | | |
| | 23 ccaa agttaccttc | | | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | | |
| <400> tccttg | 24 acgt aaagtcgcag | | | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | | |
| <400> ggaaga | 25 aaac cagtacgc | | | | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 26 18 DNA Artificial | | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | | |
| <400> ccggtc | 26 ggaa gaaaacca | | | | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 27 18 DNA Artificial | | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | | |
| <400> | 27 | | | | | |

WO 2005/031004 PCT/EP2004/010695 V7588.ST25.txt 18 gaagaaaacc agtacgcg <210> 28 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 28 cccggtcgga agaaaacc 18 <210> 29 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 29 cggtcggaag aaaaccag 18 <210> 30 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 30 ggtcggaaga aaaccagt 18 <210> 31 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <400> . 31 aagaaaacca gtacgcgg 18 <210> 32 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial

<210> 33 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial

<220>

<400> 32

<223> oligonucleotide

gtacgcggaa aaatccgg

18

V7588.ST25.txt

| | V/388.5123. LXL | |
|----------------------------------|-------------------------------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 33 cgga aaaatccg | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 34 18 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 34 aaat ccggaccg | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> cggaag | 35 aaaa ccagtacg | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gcccgg | 36 tcgg aagaaaac | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> cgcgga | 37 aaaa tccggacc | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 38 18 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> cagtac | 38 gcgg aaaaatcc | 18 |
| <210> | 39 | |

en a e e e e e

| | | V/588.ST25.txt | | |
|----------------------------------|-------------------------------|----------------|-----|----|
| <211> <212> <213> | 18 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> agaaaa | 39 ccag tacgcgga | | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 40 18 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 40 gtcg gaagaaaa | | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 DNA | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 41 acca cccgatcc | | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> acgcgg | 42 aaaa atccggac | | i . | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 43 18 DNA Artificial | | | |
| <220> · <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> gagagg | 43 cccg gtcggaag | | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> | 44 | | | |

| agaggo | ccgg tcggaaga | V7588.ST25.txt | 18 | |
|----------------------------------|-------------------------------|----------------|----|---------|
| <210> <211> <212> <213> | 45 18 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | - |
| | 45 cggt cggaagaa | | 18 | |
| <211> <212> | 46 18 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 46 ggtc ggaagaaa | | 18 | |
| <211> <212> | 47 18 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> ccgagt | 47 gggt cagtaaat | | 18 | |
| <212> | 18 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> ccagta | 48 . cgcg gaaaaatc | | 18 | |
| <210> <211> <212> <213> | · 18 | | | rise ne |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> taaaca | 49 ccac ccgatccc | | 18 | |
| <210> <211> <212> <213> | 50 18 DNA Artificial | | | |

V7588.ST25.txt

| | V7588.ST25.txt | | |
|----------------------------------|-------------------------------|---------------|------------|
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ggagag | 50 ggccc ggtcggaa | 18 | |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gaaaac | 51 Écagt acgcggaa | 18 | |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> tacgcg | 52 ggaaa aatccgga | 18 | |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ggccac | 53 caggg acccaggg | 18 | |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | · | |
| <220> | oligonucleotide | | |
| <400> tcacca | 54 paggg ccacaggg | 18 millionauc | ٠ <u>.</u> |
| <210> <211> <212> <213> | 55 18 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gggcca | 55 acagg gacccagg | 18 | |
| | | | |

10/203

<210> 56

V7588.ST25.txt

. -- ,--

| | V/308.3123. LXC | |
|----------------------------------|-------------------------------|----|
| <211> <212> <213> | 18 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ttcacc | 56 aagg gccacagg | 18 |
| <212> | 57 18 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> acaggg | 57 accc agggctag | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 58 18 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> | 58 cacag ggacccag | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gttcac | 59 caag ggccacag | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gccaca | 60 ggga cccagggc | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 61 18 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> | 61 | |

| V7588.ST25.txt | 40 | |
|--|----|-------------|
| cagggaccca gggctagc | 18 | |
| <210> 62 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 62 agggacccag ggctagcc | 18 | • |
| <210> _63 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial | | , st |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 63 accaagggcc acagggac | 18 | |
| <210> 64 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 64 ccacagggac ccagggct | 18 | |
| <210> 65 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial | | - |
| <pre><<220></pre> | | |
| <400>65 cacagggacc cagggcta | 18 | |
| <210> 66 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 66 caccaagggc cacaggga | 18 | |
| <210> 67 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial | | |

V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 67 gggacccagg gctagcca 18 <210> 68 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 68 aggagaggcc cggtcgga 18 <210> 69 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 69 aaggagaggc ccggtcgg 18 <210> 70 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 70 gaaggagagg cccggtcg 18 <210> 71 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide agggctagcc agaaggag -- --18 <210> 72 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 72 gggctagcca gaaggaga 18 <210> 73

V7588.ST25.txt

| | | V/300.5123.LXL | |
|----------------------------------|-------------------------------|----------------|----|
| <211> <212> <213> | 18 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> agaagg | 73 Jagag gcccggtc | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> caaggg | 74 JCCac agggaccc | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ccaagg | 75 gcca cagggacc | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gtcgga | 76 aaaa ccagtacg ·· | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | u≟ | |
| <400> gcccgg | 77 tcgg aaaaacca | · | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 78 18 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> | 78 | | |

... .

WO 2005/031004 PCT/EP2004/010695 V7588.ST25.txt ccggtcggaa aaaccagt 18 <210> 79 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 79 cccggtcgga aaaaccag 18

<210> 80 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleoțide

<400> 80 tcggaaaaac cagtacgc 18

<210> 81 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide

<400> 81 cggaaaaacc agtacgcg 18

<210> 82 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide

<400> 82 ggaaaaacca gtacgcgg 18

<220> <223> oligonucleotide

<400> 83 gtacgcggaa aaatccgg 18

<210> 84 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial

V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 84 agtacgcgga aaaatccg 18 <210> 85 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 85 gcggaaaaat ccggaccg 18 <210> 86 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 86 ggtcggaaaa accagtac 18 <210> 87 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 87 actcctagtg gtgccctt 18 <210> 88 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 88 gctccactcc tagtggtg 18 <210> 89 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide

<210> 90

<400> 89

cactcctagt ggtgccct

18

| <211> <212> <213> | 18 DNA Artificial | |
|----------------------------------|-------------------------------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 90 tcct agtggtgc | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 91 18 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> tccact | 91 ccta gtggtgcc | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 92 18 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ccactc | 92 ctag tggtgccc | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 93 18 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ggctcc | 93 actc ctagtggt | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 94 18 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 94 cact cctagtgg | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> | 95 | |

| ggccc | ggtcg gaaaaacc | V/300.5123.LXL | 18 |
|----------------------------------|--------------------------------|----------------|----|
| <210> <211> <212> <213> | 18 DNA | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gaaaa: | 96 accag tacgcgga | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> cgcgga | 97 aaaaa tccggacc | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> cagtao | 98 gcgg aaaaatcc | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | • | |
| <400> cggtcg | 99 gaaa aaccagta | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 100 18 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> aaggcc | 100 cggt cggaaaaa | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 101 18 DNA Artificial | | |

| | | V7588.ST25.txt | |
|----------------------------------|--------------------------------|----------------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> caggct | 101 ccac tcctagtg | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 102 18 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ctccta | 102 gtgg tgcccttc | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 103 18 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> tcctag | 103 tggt gcccttcc | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 104 18 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 104 tcca ctcctagt | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> aggcccq | 105 ggtc ggaaaaac | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 106 18 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> acgcgga | 106 aaaa atccggac | | 18 |
| | | | |

<210> 107

V7588.ST25.txt

| <211> <212> <213> | 18 DNA Artificial | | | |
|----------------------------------|--------------------------------|---|--|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> ccagta | 107 cgcg gaaaaatc | | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 108 18 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> ctagtg | 108 gtgc ccttccgt | | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 109 18 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> gaaagg | 109 cccg gtcggaaa | | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 110 18 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 110 ccgg tcggaaaa | | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 111 18 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | • | | |
| <400> tacgcgg | 111 gaaa aatccgga | | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 112 18 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> | 112 | | | |

20/203

V7588.ST25.txt ggaaaggccc ggtcggaa 18 <210> 113 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 113 atctcttccg aaaggtcg 18 <210> 114 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 114 catctcttcc gaaaggtc 18 <210> 115 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 115 ctcttccgaa aggtcgag 18 <210> 116 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial ··· -·· <220> <223> oligonucleotide <400> 116 cttccgaaag gtcgagat 18 <210> 117 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 117 tctcttccga aaggtcga 18 <210> 118 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial

| | | V7588.ST25.txt | |
|----------------------------------|--------------------------------|------------------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | V/ 300.5123. LXL | |
| <400> tcttc | 118 cgaaa ggtcgaga | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> cctag | 119 Eggtg cccttccg | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> tagtgg | 120 tgcc cttccgtc | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> agtggt | 121 gccc ttccgtca | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 DNA | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gccaag | 122 gtta gactcgtt | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 123 18 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ggccaaç | 123 ggtt agactcgt | | 18 |
| <210> | 124 | | |

V7588.ST25.txt <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 124 ccaaggttag actcgttg 18 <210> 125 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 125 caaggttaga ctcgttgg 18 <210> 126 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 126 aaggttagac tcgttggc 18 <210> 127 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 127 20 ctcgcctcac ggggttctca <210> 128 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 128 ggcccggtcg aaattaaa 18 <210> 129 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 129

V7588.ST25.txt

| aggcc | cggtc gaaattaa | V/388.ST25.tXt | 18 |
|----------------------------------|--------------------------------|----------------|----|
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> aaggc | 130 ccggt cgaaatta | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> aaaggo | 131 ccgg tcgaaatt | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | · | |
| <400> gaaagg | 132 cccg gtcgaaat | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 133 18 DNA Artificial | | |
| | oligonucleotide | | |
| <400> atattc | 133 gagc gaaacgcc | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 134 18 DNA Artificial | · | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ggaaag | 134 gccc ggtcgaaa | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 135 18 DNA Artificial | | |

| | | V7588.ST25.txt | |
|----------------------------------|----------------------|-----------------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | V/300.3123. (XC | |
| <400> aaagat | 135 ccgg accggccg | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ggaaag | 136 atcc ggaccggc | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gaaagat | 137 cccg gaccggcc | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gatccgg | 138 acc ggccgacc | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 139 gac cggccgac | | 18 |
| <212> I | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> 1 | L40 gga ccggccga | | 18 |
| <210> 1 | .41 | | |

V7588.ST25.txt <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 141 aggaaaggcc cggtcgaa 18 <210> 142 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 142 aaggaaaggc ccggtcga 18 <210> 143 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 143 cgagcaaaac gcctgctttg 20 <210> 144 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 144 -- cgctctgaaa gagagttgcc <210> 145 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 145 agttgccccc tacactagac 20 <210> 146 <211> 19 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 146

V7588.ST25.txt gcttctccgt cccgcgccg 19 <210> 147 <211> 21 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 147 agattytccg ctctgagatg g 21 <210> 148 <211> 19 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 148 cctggttcgc caaaaaggc 19 <210> 149 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 149 gattctcggc cccatggg 18 <210> 150 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 150 accctctacg gcagcctgtt 20 <210> 151 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 151 gatcggtctc cagcgattca 20 <210> 152 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

| | V7588.ST25.txt | |
|----------------------------------|---------------------------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> acccto | 152 cacg gcggcctgtt | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gattct | 153 ccgc gccatggg | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> tcatca | 154 gacg ggattctcac | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 22 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ctcatc | 155 gcac gggattctca cc | 22 |
| <210> <211> <212> <213> | 22 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 156 acac gggattctca cc | 22 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 157 CCCC tcctctaagc | 20 |
| <210> | 158 | |

V7588.ST25.txt <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 158 ctgccacaag gacaaatggt 20 <210> 159 <211> 21 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 159 tgcccctct tctaagcaaa t 21 <210> 160 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 160 ccccaaagtt gccctctc 18 <210> 161 <211> 23 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 161 ---- gccgccccaa agtcgccctc tac --- -- -- --<210> 162 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 162 gccccagagt cgccttctac 20 <210> 163 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial

. . .

29/203

<223> oligonucleotide

<400> 163

ccgaagtcgg ggttttgcgg

20

| .220. | V7588.ST25.txt | |
|----------------------------------|---|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gatago | 169 ccgaa accacctttc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gccgaa | 170 acca cctttcaaac | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 171 gccg aaaccacctt | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 172 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 172 agcc gaaaccacct | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 173 20 ····· ··· ··· ··· ··· ··· ··· ··· ··· | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> tttaac | 173 ggga tgcgttcgac | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 174 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> aagtgat | 174 cagc cgaaaccacc | 20 |
| <210> | 175 | |

V7588.ST25.txt

| <211> <212> <213> | 20 DNA Artificial | | | |
|----------------------------------|--------------------------------|---|--------|---------------|
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> ggttga | 175 atac cgtcaacgtc | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 176 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> gcacag | 176 tatg tcaagacctg | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 177 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> catccg | 177 atgt gcaagcactt | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 178 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> tcatcc | 178 gatg-tgcaagcact | | 20 | • |
| <210> <211> <212> <213> | 179 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | (2 <u>.</u>) |
| <400> ccgatg | 179 tgca agcacttcat | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 180 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | · | | |
| <400> | 180 | | | |

V7588.ST25.txt ccactcatcc gatgtgcaag 20 <210> 181 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 181 gccacagttc gccactcatc 20 <210> 182 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 182 cctccgcgtt tgtcaccggc 20 <210> 183 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 183 accagttcgc cacagttcgc 20 <210> 184 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> ······ oligonucleotide <400> 184 cactcatccg atgtgcaagc 20 <210> 185 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 185 ccagttcgcc acagttcgcc 20

33/203

<210> 186 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 186 ctcatccgat gtgcaagcac 20 <210> 187 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 187 tccgatgtgc aagcacttca 20 <210> 188 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 188 cgccactcat ccgatgtgca 20 <210> 189 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 189 cagttcgcca cagttcgcca 20 <210> 190 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 190 gccactcatc cgatgtgcaa 20 <210> 191 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 191 cgccacagtt cgccactcat 20

<210> 192

V7588.ST25.txt <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 192 atccgatgtg caagcacttc 20 <210> 193 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 193 gttcgccaca gttcgccact 20 <210> 194 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 194 tcctccgcgt ttgtcaccgg 20 <210> 195 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide 20 <210> 196 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 196 agttcgccac agttcgccac 20 <210> 197

<211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 197

<220>

<223> oligonucleotide

<400> 202

taacgggatg cgttcgactt

<210> 203 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

20

WO 2005/031004 PCT/EP2004/010695 V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 203 aacgggatgc gttcgacttg 20 <210> 204 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 204 cgaaggttac-cgaaccgact 20 <210> 205 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 205 ccgaaggtta ccgaaccgac 20 <210> 206 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 206 cccgaaggtt accgaaccga 20 <220> <223> oligonucleotide <400> 207 ttcctccgcg tttgtcaccg 20 <210> 208 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 208 ccgccagggt tcatcctgag 20

....

<210> 209

V7588.ST25.txt <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 209 tccttccaga agtgatagcc 20 <210> 210 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> _ _ _ _ _ _ _ _ . <223> oligonucleotide <400> 210 caccagttcg ccacagttcg 20 <210> 211 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 211 acgggatgcg ttcgacttgc 20 <210> 212 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 212 gtccttccag aagtgatagc 20 <210> 213 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 213 gccagggttc atcctgagcc 20 <210> 214 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <223> oligonucleotide <400> 214

38/203

V7588.ST25.txt actcatccga tgtgcaagca

Section 1

20

<210> 215 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

<220> <223> oligonucleotide

<400> 215

atcattgcct tggtgaaccg

20

<210> 216 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

<220>

<223> oligonucleotide

<400> 216

tccgcgtttg tcaccggcag

20

<210> 217 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

<220>

<223> oligonucleotide

<400> 217

tgaaccgtta ctccaccaac

20

<210> 218 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

<220> - <223> oligonucleotide

<400> .218 . . . gaagtgatag ccgaaaccac

20

<220>

<223> oligonucleotide

<400> 219

ccgcgtttgt caccggcagt

20

<210> 220 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

| V7588.ST25.txt | |
|--|----|
| <220> <223> oligonucleotide | |
| <400> 220 ttcgccactc atccgatgtg | 20 |
| <210> 221 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | |
| <220> <223> oligonucleotide | |
| <400> 221 catttaacgg gatgcgttcg | 20 |
| <210> 222 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | |
| <220> <223> oligonucleotide | |
| <400> 222 cacagttcgc cactcatccg | 20 |
| <210> 223 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | |
| <220> <223> oligonucleotide | |
| <400> 223 ttcgccacag ttcgccactc | 20 |
| <210> 224 <211> 20 | |
| <220> <223> oligonucleotide | |
| <400> 224 ctccgcgttt gtcaccggca | 20 |
| <210> 225 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | |
| <220> <223> oligonucleotide | |
| <400> 225 acgccgccag ggttcatcct | 20 |
| <210> 226 | |

V7588.ST25.txt <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 226 ccttccagaa gtgatagccg 20 <210> 227 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 227 tcattgcctt ggtgaaccgt 20 <210> 228 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 228 cacagtatgt caagacctgg 20 <210> 229 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 229 20 <210> 230 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide · · · · · · <400> 230 cttggtgaac cgttactcca 20 <210> 231 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 231

V7588.ST25.txt gtgaaccgtt actccaccaa 20 <210> 232 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 232 ggctcccgaa ggttaccgaa 20 <210> 233 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 233 gaaggttacc gaaccgactt 20 <210> 234 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 234 tggctcccga aggttaccga 20 <210> 235 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 235 taatacgccg cgggtccttc 20 <210> 236 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 236 gaaccgttac tccaccaact 20 <210> 237 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

| | V7588.ST25.txt | |
|----------------------------------|----------------------------------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> tacgco | 237 :gcgg gtccttccag | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 238 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 238 gttc gccacagttc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 239 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 239 tgaa ccgttactcc | 20 |
| <211> <212> | 240 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ctcacc | 240 agtt cgccacagtt | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 241 20 ···· DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> cgccgc | 241 cagg gttcatcctg | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 242 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ccttgg1 | 242 tgaa ccattactcc | 20 |
| <210> | 243 | |

V7588.ST25.txt

<211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 243 tggtgaacca ttactccacc 20 <210> 244 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 244 gccgccaggg ttcatcctga 20 <210> 245 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 245 ggtgaaccat tactccacca 20 <210> 246 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide 20 <210> 247 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 247 aatacgccgc gggtccttcc 20 <210> 248 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 248

V7588.ST25.txt cacgccgcca gggttcatcc 20 <210> 249 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 249 agttcgccac tcatccgatg 20 <210> 250 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 250 cgggatgcgt tcgacttgca 20 <210> 251 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 251 cattgccttg gtgaaccgtt 20 <210> 252 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 252 gcacgccgcc agggttcatc 20 <210> 253 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <223> oligonucleotide <400> 253 cttcctccgc gtttgtcacc 20 <210> 254 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 254 tggtgaaccg ttactccacc 20 <210> 255 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 255 ccttcctccg cgtttgtcac 20 <210> 256 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 256 acgccgcggg tccttccaga 20 <210> 257 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 257 ggtgaaccgt tactccacca 20 <220> <223> oligonucleotide <400> 258 gggtccttcc agaagtgata 20 <210> 259 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 259 cttccagaag tgatagccga 20

<210> 260

V7588.ST25.txt <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 260 gccttggtga accattactc 20 <210> 261 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 261 acagttcgcc actcatccga 20 <210> 262 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 262 accttcctcc gcgtttgtca 20 <210> 263 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide 20 cgaaccgact ttgggtgttg <210> 264 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 264 gaaccgactt tgggtgttgc 20 <210> 265 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 265

V7588.ST25.txt aggttaccga accgactttg 20 <210> 266 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 266 accgaaccga ctttgggtgt 20 <210> 267 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 267 ttaccgaacc gactttgggt 20 <210> 268 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 268 taccgaaccg actttgggtg 20 <210> 269 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <223> oligonucleotide <400> 269 gttaccgaac cgactttggg 20 <210> 270 <211> 21 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 270 cctttctggt atggtaccgt c 21 <210> 271 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

WO 2005/031004 PCT/EP2004/010695 V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 271 tgcaccgcgg ayccatctct 20 <210> 272 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 272 agttgcagtc cagtaagccg 20 <210> 273 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 273 gttgcagtcc agtaagccgc 20 <210> 274 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 274 cagttgcagt ccagtaagcc 20 <210> 275 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 275 tgcagtccag taagccgcct 20 <210> 276 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

<210> 277

<400> 276

<223> oligonucleotide

tcagttgcag tccagtaagc

<220>

20

V7588.ST25.txt

| .211. | 20 | V7588.ST25.txt | |
|----------------------------------|--------------------------------|----------------|----|
| <211> <212> <213> | DNA | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ttgcag | 277 gtcca gtaagccgcc | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 278 ccagt aagccgcctt | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gtcagt | 279 tgca gtccagtaag | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 280 gtga·cgccgaagcg | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 281 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> atctct | 281 aggt gacgccgaag | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 282 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> | 282 | | |

| | WO 2005/031004 | | PCT/EP2004/01069 |
|----------------------------------|--|----------------|------------------|
| tcta | ggtgac gccgaagcgc | V7588.ST25.txt | 20 |
| <212: | > 283 > 20 > DNA > Artificial | | |
| <220: <223: | | | |
| | > 283 taggtg acgccgaagc | | 20 |
| <211> <212> | > 284 > 20 > DNA > Artificial | | |
| <220> <223> | | | |
| <400> ccato | 284 ctctag gtgacgccga | | 20 |
| <211><212> | 285 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | | | |
| | · 285 ctagg tgacgccgaa | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> taggt | 286 gacgc cgaagcgcct | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | | |
| <220> <223> | | | |
| <400> ctagg | 287 tgacg ccgaagcgcc | | 20 |
| | | | |

51/203

<210> 288 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 288 cttagacggc tccttcctaa 20 <210> 289 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 289 ccttagacgg ctccttccta 20 <210> 290 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 290 acgtcagttg cagtccagta 20 <210> 291 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 291 cgtcagttgc agtccagtaa 20 <210> 292 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 292 : . . . acgccgaagc gccttttaac 20 <210> 293 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 293

20

52/203

-gacgccgaag cgccttttaa

<210> 294

V7588.ST25.txt <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 294 gccgaagcgc cttttaactt 20 <210> 295 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 295 cgccgaagcg ccttttaact 20 <210> 296 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 296 gtgacgccga agcgcctttt 20 <210> 297 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide tgacgccgaa gcgcctttta . 20 <210> 298 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220>-<223> oligonucleotide <400> 298 agacggctcc ttcctaaaag 20 <210> 299 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

53/203

<220>

<400> 299

<223> oligonucleotide

V7588.ST25.txt

| | | V 7 588.ST25.txt | | |
|----------------------------------|--------------------------------|-------------------------|------|-------|
| acggc | cctt cctaaaaggt | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> gacggo | 300 ctcct tcctaaaagg | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 301 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> ccttcc | 301 taaa aggttaggcc | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 302 gcca aagcgccttt | | . 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 303 20 DNA Artificial | | | |
| <220>· <223> | oligonucleotide | | | · • • |
| <400> aggtga | 303 cgcc aaagcgcctt | | 20 | - |
| <210> <211> <212> <213> | 304 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> taggtg | 304 acgc caaagcgcct | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 305 20 DNA Artificial | | | |

V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 305 ctctaggtga cgccaaagcg 20 <210> 306 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 306 tctaggtgac gccaaagcgc 20 <210> 307 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 307 ctaggtgacg ccaaagcgcc 20 <210> 308 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 308 acgccaaagc gccttttaac 20 <220> <223> oligonucleotide <400> 309 cgccaaagcg ccttttaact 20 <210> 310 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 310 tgacgccaaa gcgcctttta 20 <210> 311

55/203

V7588.ST25.txt

| .211. | V7588.ST25.txt | |
|----------------------------------|---|----|
| <211> <212> <213> | 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> tctcta | 311 aggtg acgccaaagc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 312 gccaa agcgcctttt | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gacgco | 313 caaag cgccttttaa | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> atctct | 314 caggt gacgccaaag - · · · · · · · · · · · · · · · · · · | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 315 20 DNA Artificial | |
| <220> - <223> | oligonucleotide | |
| <400> catcto | 315 rtagg tgacgccaaa | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> | 316 | |

3.

56/203

2/285c

V7588.ST25.txt tccatctcta ggtgacgcca 20 <210> 317 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 317 ccatctctag gtgacgccaa 20 <210> 318 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 318 ctgccttaga cggctccccc 20 <210> 319 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 319 cctgccttag acggctcccc 20 <210> 320 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 320 gtgtcatgcg acactgagtt 20 <210> 321 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide tgtgtcatgc gacactgagt 20 <210> 322 <211> 20

<212> DNA <213> Artificial

V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 322 ctttgtgtca tgcgacactg 20 <210> 323 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 323 ttgtgtcatg cgacactgag 20 <210> 324 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 324 tgccttagac ggctcccct 20 <210> 325 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 325 agacggctcc ccctaaaagg 20 <210> 326 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 326 tagacggctc cccctaaaag 20 <210> 327 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220>

<210> 328

<400> 327

<223> oligonucleotide

gccttagacg gctccccta

20

. . . .

V7588.ST25.txt <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <223> oligonucleotide <400> 328 gctccccta aaaggttagg 20 <210> 329 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> · <223> oligonucleotide <400> 329 ggctcccct aaaaggttag 20 <210> 330 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 330 ctcccctaa aaggttaggc 20 <210> 331 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 331 tccccctaaa aggttaggcc 20 <210> 332 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> to reconstruction <223> oligonucleotide <400> 332 ccctaaaagg ttaggccacc 20 <210> 333 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 333

V7588.ST25.txt cccctaaaag gttaggccac 20 <210> 334 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 334 cggctcccc taaaaggtta 20 <210> 335 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 335 cccctaaaa ggttaggcca 20 <210> 336 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 336 cttagacggc tccccctaaa 20 <210> 337 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial ······· <220>··· <223> oligonucleotide <400> 337 ttagacggct ccccctaaaa 20 <220> <223> oligonucleotide <400> 338 gggttcgcaa ctcgttgtat 20 <210> 339 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

| | V7588.ST25. | txt | |
|----------------------------------|--|-----|----|
| <220> <223> | > oligonucleotide | | |
| <400> cctta | > 339 agacgg ctcccctaa | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | > 20 > DNA | | |
| <220> <223> | | | |
| <400> acggc | > 340 ctcccc ctaaaaggtt | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | > 341 > 20 > DNA > Artificial | | |
| <220> <223> | | | |
| | - 341 gctccc cctaaaaggt | | 20 |
| <211> <212> | 342 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | | | |
| | 342 gcaag accatcctct | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | · 120· · · · · · · · · · · · · · · · · · · | | - |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ctaata | 343 acgcc gcaagaccat | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | | |
| <220> <223> | | | |
| <400> tacgco | 344 cgcaa gaccatcctc | | 20 |
| <210> | 345 | | |

.. . . .

V7588.ST25.txt <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <223> oligonucleotide <400> 345 gttacgatct agcaagccgc 20 <210> 346 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 346 aatacgccgc aagaccatcc 20 <210> 347 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 347 cgccgcaaga ccatcctcta 20 <210> 348 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 348 gctaatacgc cgcaagacca 20 <210> 349 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <400> 349 accatcctct agcgatccaa 20 <210> 350 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <223> oligonucleotide <400> 350

V7588.ST25.txt taatacgccg caagaccatc 20 <210> 351 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 351 agccatccct ttctggtaag 20 <210> 352 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 352 atacgccgca agaccatcct 20 <210> 353 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 353 agttacgatc tagcaagccg 20 <210> 354 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <223> oligonucleotide <400> 354 agctaatacg ccgcaagacc 20 <210> 355 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 355 gccgcaagac catcctctag 20 <210> 356 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 356 ttacgatcta gcaagccgct 20 <210> 357 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 357 gaccatcctc tagcgatcca 20 <210> 358 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 358 ttgctacgtc actaggaggc 20 <210> 359 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 359 acgtcactag gaggcggaaa 20 <210> 360 <211>--20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 360 tttgctacgt cactaggagg 20 <210> 361 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 361 gccatccctt tctggtaagg 20

64/203

<210> 362

V7588.ST25.txt <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 362 tacgtcacta ggaggcggaa 20 <210> 363 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 363 cgtcactagg aggcggaaac 20 <210> 364 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 364 aagaccatcc tctagcgatc 20 <210> 365 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 365 gcacgtattt agccatccct 20 <210> 366 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <223> oligonucleotide <400> 366 ctctagcgat ccaaaaggac 20 <210> 367 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 367

V7588.ST25.txt cctctagcga tccaaaagga 20 <210> 368 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 368 ccatcctcta gcgatccaaa 20 <210> 369 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 369 ggcacgtatt tagccatccc 20 <210> 370 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 370 tacgatctag caagccgctt 20 <210> 371 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> cligonucleotide <400>- 371 cagttacgat ctagcaagcc 20 <210> 372 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 372 ccgcaagacc atcctctagc 20 <210> 373 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

66/203

| 220. | V7588.ST25.txt | |
|--|---------------------------------------|----|
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 373 ccatcccttt ctggtaaggt | | 20 |
| <210> 374 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 374 agaccatcct ctagcgatcc | | 20 |
| <210> 375 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 375 caagaccatc ctctagcgat | | 20 |
| <210> 376 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 376 gctacgtcac taggaggcgg | | 20 |
| <210> 377 <211> 20 - <212> DNA <213> Artificial | · · · · · · · · · · · · · · · · · · · | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 377 tgctacgtca ctaggaggcg | va-n | 20 |
| <210> 378 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 378 ctacgtcact aggaggcgga | | 20 |
| <210> 379 | | |

V7588.ST25.txt <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 379 cctcaacgtc agttacgatc 20 <210> 380 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 380 gtcactagga ggcggaaacc 20 <210> 381 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 381 tcctctagcg atccaaaagg 20 <210> 382 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide tggcacgtat ttagccatcc . . 20 <210> 383 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 383 acgatctagc aagccgcttt 20 <210> 384 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

68/203

<220>

<400> 384

<223> oligonucleotide

V7588.ST25.txt

| gccag | tctct caactcggct | V/300.S125.TXT | 20 |
|----------------------------------|--------------------------------|----------------|----|
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | | | |
| <400> aagct | 385 aatac gccgcaagac | | 20 |
| <210><211><212><213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gtttg | 386 ctacg tcactaggag | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> cgcca | 387 ctcta gtcattgcct | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 388 ccag tctctcaact | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> cagcca | 389 gtct ctcaactcgg | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 390 20 DNA Artificial | | |

69/203

V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 390 cccgaagatc aattcagcgg 20 <210> 391 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 391 ccggccagtc tctcaactcg 20 <210> 392 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 392 ccagccagtc tctcaactcg 20 <210> 393 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 393 tcattgcctc acttcacccg 20 <210> 394 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 394 gccagccagt ctctcaactc 20 <210> 395 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <223> oligonucleotide <400> 395 cacccgaaga tcaattcagc 20

70/203

<210> 396

WO 2005/031004 PCT/EP2004/010695 V7588.ST25.txt <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 396 gtcattgcct cacttcaccc 20 <210> 397 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 397 cattgcctca cttcacccga 20 <210> 398 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 398 attgcctcac ttcacccgaa 20 <210> 399 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 399 20 · · · · · · · · · cgaagatcaa ttcagcggct <210> 400 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 400 agtcattgcc tcacttcacc 20 <210> 401 <211> 20 <212> DNA

71/203

<213> Artificial

<400> 401

<223> oligonucleotide

V7588.ST25.txt tcgccactct agtcattgcc 20 <210> 402 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 402 ttgcctcact tcacccgaag 20 <210> 403 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 403 cggccagtct ctcaactcgg 20 <210> 404 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 404 ctggcacgta tttagccatc 20 <210> 405 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 405 acccgaagat caattcagcg 20 <210> 406 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 406 tctagcgatc caaaaggacc 20 <210> 407 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

| | V7588.ST25.txt | |
|----------------------------------|--|----|
| <220> <223> | | |
| <400> ctage | 407 gatcc aaaaggacct | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gcacco | 408 Catcg tttacggtat | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> caccca | 409 utcgt ttacggtatg | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gccact | 410 ctag tcattgcctc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 411 20 ·· ·· ·· ·· ·· ·· ·· ·· ·· ·· ·· ·· ·· | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> cgtttg | 411 ctac gtcactagga | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 412 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gcctcaa | 412 acgt cagttacgat | 20 |
| <210> | 413 | |

V7588.ST25.txt <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 413 gccggccagt ctctcaactc 20 <210> 414 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 414 tcactaggag gcggaaacct 20 <210> 415 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 415 agcctcaacg tcagttacga 20 <210> 416 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 416 agccagtctc tcaactcggc <210> 417 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 417 ggccagtctc tcaactcggc 20 <210> 418 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <223> oligonucleotide <400> 418

V7588.ST25.txt caagctaata cgccgcaaga 20 <210> 419 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 419 ttcgccactc tagtcattgc 20 <210> 420 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 420 ccgaagatca attcagcggc . 20 <210> 421 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 421 cgcaagacca tcctctagcg 20 <210> 422 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 422 gcaagaccat cctctagcga 20 <210> 423 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 423 gcgtttgcta cgtcactagg 20 <210> 424 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 424 ccactctagt cattgcctca 20 <210> 425 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 425 cactctagtc attgcctcac 20 <210> 426 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 426 ccagtctctc aactcggcta 20 <210> 427 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 427 ttaccttagg caccggcctc 20 <210> 428 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 428 acaagctaat acgccgcaag 20 <210> 429 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 429 tttaccttag gcaccggcct 20

76/203

<210> 430

PCT/EP2004/010695

WO 2005/031004 V7588.ST25.txt <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 430 ttttacctta ggcaccggcc 20 <210> 431 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 431 attttacctt aggcaccggc 20 <210> 432 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 432 gattttacct taggcaccgg 20 <210> 433 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 433 20 <210> 434 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 434 acgccaccag cgttcatcct 20 <210> 435 <211> 20 <212> DNA

<213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 435

77/203

V7588.ST25.txt

| gccaa | gcgac tttgggtact | V7300.3123. CXC | 20 | |
|----------------------------------|--------------------------------|-----------------|---------------------------------------|-----|
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> cggaaa | 436 aattc cctactgcag | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> cgatct | 437 cagca agccgctttc | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> ggtaco | 438 gtca agctgaaaac | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> tgcctc | 439 actt cacccgaaga | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | · · · · · · · · · · · · · · · · · · · | . • |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> ggccgg | 440 ccag tctctcaact | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 441 20 DNA Artificial | | | |

WO 2005/031004 PCT/EP2004/010695 V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 441 ggtaaggtac cgtcaagctg 20 <210> 442 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <223> oligonucleotide <400> 442 gtaaggtacc gtcaagctga 20 <210> 443 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 443 ccgcaagacc atcctctagg 20 <210> 444 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 444 atttagccat ccctttctgg 20 <210> 445 ----<211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 445 aacccttcat cacacacg Jacobbar 51 18 <210> 446 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide

<400> 446

<210> 447

cgaaaccctt catcacac

18

V7588.ST25.txt

| <211> <212> <213> | 18 DNA Artificial | · | | | | |
|----------------------------------|--------------------------------|---|---|---|--------|---------------|
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | | |
| <400> accctt | 447 ccatc acacacgc | | | | 18 | |
| <210> <211> <212> <213> | 448 18 DNA Artificial | | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | | -7 |
| | 448 caca cactgaac | | | | 18 | |
| <210> <211> <212> <213> | 449 18 DNA Artificial | | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | | - |
| <400> agatac | 449 cgtc acacactg | | | | 18 | |
| <210> <211> <212> <213> | 450 18 DNA Artificial | | ÷ | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | | |
| <400> cactca | 450 aggg cggaaacc | | | | 18 | |
| <210> <211> <212> <213> | 451 18 DNA Artificial | | | | | - |
| | oligonucleotide | | | • | | Alaks in a cu |
| <400> accgtca | 451 acac actgaaca | | | | 18 | |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | | |
| <400> | 452 | | | | | |

| V758 | 8.ST25 | .txt |
|------|--------|------|
|------|--------|------|

| cgtca | cacac tgaacagt | V7588.ST25.txt | | 18 | |
|-----------------------------------|-----------------------|----------------|---|----|--|
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | · | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| <400> ccgaaa | 453 accct tcatcaca | | | 18 | |
| <210> <211> <212> <213> | 18 DNA | | | | *** |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| <400> ccgtca | 454 acaca ctgaacag | · | | 18 | |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| <400> gataco | 455 gtca cacactga | | | 18 | |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | | | |
| <220>· <223> | oligonucleotide | | | | |
| <400> ggtaag | 456 atac cgtcacac | | | 18 | · - · |
| <210> <211> <212>* <213> | .:18 | | | | e de la companya de l |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| <400> cccttc | 457 atca cacacgcg | | | 18 | |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | | | |

| V7588.ST25.txt | |
|---|----|
| <220> <223> oligonucleotide | |
| <400> 458 acagtgtttt acgagccg | 18 |
| <210> 459 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial | |
| <220> <223> oligonucleotide | |
| <400> 459 cagtgtttta cgagccga | 18 |
| <210> 460 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial | |
| <220> <223> oligonucleotide | |
| <400> 460 acaaagcgtt cgacttgc | 18 |
| <210> 461 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial | |
| <220> <223> oligonucleotide | |
| <400> 461 cggataacgc ttggaaca | 18 |
| <210> 462 <211> 18 · · · · · · · · · · · · · · · · · · | |
| <220> <223> oligonucleotide | |
| <400> 462 agggcggaaa ccctcgaa | 18 |
| <210> 463 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial | |
| <220> <223> oligonucleotide | |
| <400> 463 gggcggaaac cctcgaac | 18 |
| <210> 464 | |

· · /Lhighes, CCL

V7588.ST25.txt <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 464 ggcggaaacc ctcgaaca 18 <210> 465 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220>- ------<223> oligonucleotide <400> 465 tgagggcttt cacttcag 18 <210> 466 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 466 agggctttca cttcagac 18 <210> 467 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 467 gagggctttc acttcaga 18 <210> 468 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 468 actgcactca agtcatcc 18 <210> 469 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide

<400> 469

.

18

<210> 475 <211> 18 <212> DNA

<213> Artificial

WO 2005/031004 PCT/EP2004/010695 V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 475 tcccctgcta agaggtag 18 <210> 476 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 476 atcccctgct aagaggta 18 <210> 477 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 477 ccgttccttt ctggtaag 18 <210> 478 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 478 gccgttcctt tctggtaa 18 <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 479 agccgttcct ttctggta 18 <210> 480 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 480 gcacgtattt agccgttc 18

<210> 481

V7588.ST25.txt <211> 18 <212> DNA <213> Artificial

<220>

<223> oligonucleotide

<400> 481

cacgtattta gccgttcc

18

<210> 482

<211> 18 <212> DNA <213> Artificial

<220> <223> oligonucleotide

<400> 482

ggcacgtatt tagccgtt

18

<210> 483 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial

<220> <223> oligonucleotide

<400> 483

cactttcctc tactgcac

18

<210> 484 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial

<220>

<223> oligonucleotide

<400> 484

ccactttcct ctactgca

18

<210> 485

<211> 18 <212> DNA <213> Artificial

<220>

<223> oligonucleotide

<400> 485

tccactttcc tctactgc

18

<210> 486 <211> 18 <212> DNA

<213> Artificial

<223> oligonucleotide

<400> 486

V7588.ST25.txt

| ctttc | ctcta ctgcactc | 18 |
|----------------------------------|-----------------------|----|
| <210> <211> <212> <213> | 18 DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> tagcco | 487 pttcc tttctggt | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ttagco | 488 gttc ctttctgg | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ttatco | 489 cctg ctaagagg | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | |
| <220> · <223> | oligonucleotide | |
| <400> gttatc | 490 ccct gctaagag | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 491 18 DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> cccgtt | 491 cgcc actctttg | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | |

V7588.ST25.txt

| <220> | | V/388.5125.TXT | |
|----------------------------------|--|----------------|----|
| <223> | oligonucleotide | | |
| <400> agctga | 492 agggc tttcactt | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gagcto | 493 gaggg ctttcact | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | • | |
| <400> gctgag | 494 ggct ttcacttc | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ctgagg | 495 gctt tcacttca | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 · · · · · · · · · · · · · · · · · · · | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> cccgtg | 496 tccc gaaggaac | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 497 18 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gcacga | 497 gtat gtcaagac | | 18 |
| <210> | 498 | | |

88/203

<220> <223> oligonucleotide

<400> 498

gtatcccgtg tcccgaag 18

<210> 499 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial

<220> <223> oligonucleotide

<400> 499

tcccgtgtcc cgaaggaa 18

<210> 500 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial

<220> <223> oligonucleotide

<400> 500

atcccgtgtc ccgaagga 18

<210> 501
<211> 18
<212> DNA
<213> Artificial
<220>
<223> oligonucleotide

<210> 502 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial

<400> 502 cttaccttag gaag

cttaccttag gaagcgcc 18

<210> 503 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 503

89/203

V7588.ST25.txt

| ttacct | tagg aagcgccc | | V7588.ST25.tx | (t | 18 |
|----------------------------------|--------------------------------|---|---------------|----|----|
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| <400> cctgta | 504 itccc gtgtcccg | | | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| <400> ccacct | 505 gtat cccgtgtc | | | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| <400> cacctg | 506 tatc ccgtgtcc | | | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| <400> acctgt | 507 atcc cgtgtccc | | | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 508 18 DNA Artificial | N | ***** | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| <400> ctgtat | 508 cccg tgtcccga | | | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 509 18 DNA Artificial | | | | |

V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 509 tgtatcccgt gtcccgaa 18 <210> 510 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 510 cacgagtatg tcaagacc 18 <210> 511 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 511 cggtcttacc ttaggaag 18 <210> 512 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 512 taggaagcgc cctccttg 18 <210> 513 <211> 18 ··· ··· -... <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 513 aggaagcgcc ctccttgc 18 <210> 514 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 514 ttaggaagcg ccctcctt 18

<210> 515

V7588.ST25.txt <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 515 cttaggaagc gccctcct 18 <210> 516 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 516 ccttaggaag cgccctcc 18 <210> 517 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 517 accttaggaa gcgccctc 18 <210> 518 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 518 tgcacacaat ggttgagc 18 <210> 519 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <2·20> <223> oligonucleotide <400> 519 taccttagga agcgccct 18 <210> 520 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <223> oligonucleotide <400> 520

V7588.ST25.txt accacctgta tcccgtgt 18 <210> 521 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 521 gcaccacctg tatcccgt 18 <210> 522 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 522 caccacctgt atcccgtg 18 <210> 523 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 523 gcggttaggc aacctact 18 <210> 524 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial ·· <220> <223> oligonucleotide <400> 524 tgcggttagg caacctac 18 <210> 525 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial <223> oligonucleotide <400> 525 ttgcggttag gcaaccta 18 <210> 526 <211> 18 <212> DNA <213> Artificial

| | | V7588.ST25.txt | |
|----------------------------------|--------------------------------|----------------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | V7300.5123.LXL | |
| <400> ggtct | 526 tacct taggaagc | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gctaat | 527 acaa cgcgggat | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 528 18 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ctaata | 528 caac gcgggatc | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> atacaa | 529 cgcg ggatcatc | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 530 18 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> cggtta | 530 ggca acctactt | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 531 18 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> tgcacca | 531 cct gtatcccg | | 18 |
| <210> | 532 | | |

| .211. | 10 | V7588. | ST25.txt | |
|----------------------------------|--------------------------------|--------|----------|--------|
| <211> <212> <213> | 18 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> gaagc | 532 gccct ccttgcgg | | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> ggaago | 533 cgccc tccttgcg | | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 534 tttc tggttaga | | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 535 18 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> agctaa | 535 taca acgcggga - | | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 536 18 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> tagcta | 536 atac aacgcggg | | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 537 18 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> | 537 | | | |

V7588.ST25.txt

| ctagc | taata caacgcgg | V/388.5123.txt | 18 |
|----------------------------------|--------------------------------|---------------------------------------|----|
| <210> <211> <212> <213> | 18 DNA | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | · · · · · · · · · · · · · · · · · · · | |
| <400> ggcta1 | 538 tgtat catcgcct | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 539 18 DNA Artificial | • | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gagcca | 539 actgc cttttaca | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 540 18 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gtcggc | 540 statg tatcatcg | | 18 |
| | 541 18 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | | | |
| <400> ggtcgg | 541 ctat gtatcatc | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 542 18 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> caggtc | 542 ggct atgtatca | | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 543 18 DNA Artificial | | |

V7588.ST25.txt

| <220> <223> | V7588.ST25.txt oligonucleotide | |
|--------------------------------------|--------------------------------|----|
| <400> cggcta | 543 tgta tcatcgcc | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 544 atgt atcatcgc | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 545 cctt aggaagcg | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 18 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> tcttaco | 546 ctta ggaagcgc | 18 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gtacaaa | 547 accg cctacacgcc | 20 |
| <212> | 548 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> tgtacaa | 548 aacc gcctacacgc | 20 |
| <210> | 549 | |

...

V7588.ST25.txt <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 549 gatcagcacg atgtcgccat 20 <210> 550 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 550 ctgtacaaac cgcctacacg 20 <210> 551 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 551 gagatcagca cgatgtcgcc 20 <210> 552 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 552 'agatcagcac gatgtcgcca' 20 <210> 553 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 553 atcagcacga tgtcgccatc 20

<210> 554 <211> 20

<400> 554

<220>

<212> DNA <213> Artificial

<223> oligonucleotide

WO 2005/031004 PCT/EP2004/010695 V7588.ST25.txt tcagcacgat gtcgccatct 20 <210> 555 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 555 actgtacaaa ccgcctacac 20 <210> 556 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 556 ccgccactaa ggccgaaacc 20 <210> 557 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 557 cagcacgatg tcgccatcta 20 <210> 558 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 558 tacaaaccgc ctacacgccc 20 <210> 559 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 559 agcacgatgt cgccatctag 20 <210> 560 <211> 20

<212> DNA <213> Artificial

V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 560 cggcttttag agatcagcac 20 <210> 561 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 561 tccgccacta aggccgaaac 20 <210> 562 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 562 gactgtacaa accgcctaca 20 <210> 563 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 563 gtccgccact aaggccgaaa 20 <210> 564 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 564 ggggatttca catctgactg 20 <210> 565 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

catacaagcc ctggtaaggt

<210> 566

<400> 565

<220> <223> oligonucleotide

40 10 1

20

V7588.ST25.txt

| <211> | | V/ 300.5123.LXL | | |
|----------------------------------|--------------------------------|---|--------|---|
| <212> <213> | DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> acaago | 566 ccctg gtaaggttct | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 567 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> acaaac | 567 cgcc tacacgccct | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | DNA | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 568 gtac aaaccgccta | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> tgactg | 569 taca aaccgcctac | - · · · · · · · · · · · · · · · · · · · | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 570 20 DNA Artificial | | | - |
| | : oligonucleotide | | | |
| <400> acgatg | 570 tcgc catctagctt | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> | 571 | | | |

101/203

. .

| 50.555 | V7588.ST25.txt | | |
|-----------------|-------------------------|----|-----|
| cacga | tgtcg ccatctagct | 20 | |
| <210> <211> | | | |
| <212> | DNA | | |
| <213> | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> | | | |
| cgatgi | tcgcc atctagcttc | 20 | |
| <210> | 573 | | |
| <211> <212> | 20 DNA | | |
| <213> | Artificial | | |
| <220> <223> | | | |
| <400> | | | |
| gcacga | atgtc gccatctagc | 20 | |
| <210> | 574 | | |
| <211> <212> | 20 DNA | | |
| <213> | Artificial | | |
| <220> | -7477 | | |
| <223> | · | | |
| <400> gatgto | 574 Egcca tctagcttcc | 20 | |
| | - | , | |
| <210> <211> | 575 20 | | |
| <212> | DNA | | |
| <213> | Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | ••• |
| <400> | 575 gccat ctagcttccc | • | |
| ucyccy | getat etagetteet | 20 | |
| <210> | 576 · | | |
| <211> <212> | DNA · | < | |
| <213> | Artificial | | |
| <220> | oligonus locatido | | |
| <223> | oligonucleotide | | |
| <400> tgtcgc | 576 Catc tagcttccca | 20 | |
| - • | - | 20 | |
| <210> <211> | 577 20 | | |
| <212> | DNA | | |
| <213> | Artificial | | |

| | V758 | 38.ST25.txt | |
|----------------------------------|--------------------------------|-------------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gccato | 577 ctagc ttcccactgt | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> tcgcca | 578 tcta gcttcccact | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 579 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 579 ctag cttcccactg | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 580 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gtcgcc | 580 atct agcttcccac | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 581 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> tacaag | 581 - ccct ggtaaggttc | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 582 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gccacta | 582 lagg ccgaaacctt | | 20 |
| <210> | 583 | | |

toda.....

V7588.ST25.txt <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 583 actaaggccg aaaccttcgt 20 <210> 584 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 584 ctaaggccga aaccttcgtg 20 <210> 585 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 585 cactaaggcc gaaaccttcg 20 <210> 586 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 586 aaggccgaaa ccttcgtgcg . 20 <210> 587 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> cligonucleotide · v.· ; <400> 587 ccactaaggc cgaaaccttc 20 <210> 588 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

104/203

<223> oligonucleotide

<400> 588

| , | V | 75 | 8 | 8 | • | S | T | 2 | 5 | • | tx | t |
|---|---|----|---|---|---|---|---|---|---|---|----|---|
| | | | | | | | | | | | | |

| taaggccgaa accttcgtgc | V/588.ST25.txt | 20 | |
|--|---|------|--------------------------|
| <210> 589 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | | |
| <400> 589 aggccgaaac cttcgtgcga | | 20 | |
| <210> 590 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | | government of the second |
| <220> <223> oligonucleotide | | | |
| <400> 590 tctgactgta caaaccgcct | | 20 | |
| <210> 591 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | | |
| <400> 591 catctgactg tacaaaccgc | | . 20 | |
| <210> 592 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | | |
| <pre><220> <223> oligonucleotide</pre> | - · · · · · · · · · · · · · · · · · · · | | |
| <400> 592 atctgactgt acaaaccgcc | | 20 | - |
| <210> 593 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | | alian di Language |
| <220> <223> oligonucleotide | | | |
| <400> 593 cttcgtgcga cttgcatgtg | | 20 | |
| <210> 594 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | | |

<210> 600

Are to the second

Andrew Commence

V7588.ST25.txt <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 600 ccgaaacctt cgtgcgactt 20 <210> 601 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 601 gccgaaacct tcgtgcgact 20 <210> 602 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 602 aaccttcgtg cgacttgcat 20 <210> 603 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 603 cgaaaccttc gtgcgacttg ······· . 20 <210> 604 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 604 accttcgtgc gacttgcatg 20 <210> 605 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide

107/203

<400> 605

<213> Artificial

PCT/EP2004/010695

V7588.ST25.txt gaaaccttcg tgcgacttgc 20 <210> 606 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 606 ggccgaaacc ttcgtgcgac 20 <220> <223> oligonucleotide <400> 607 aaaccttcgt gcgacttgca 20 <210> 608 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <223> oligonucleotide <400> 608 cacgtatcaa atgcagctcc 20 <210> 609 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> cligonucleotide <400> ...609 gctcaccggc ttaaggtcaa 20 <210> 610 <211>_ 20 <212>_ DNA <213>_ Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 610 cgctcaccgg cttaaggtca 20 <210> 611 <211> 20 <212> DNA

| <220> | V7588.ST25.txt | |
|----------------------------------|--------------------------------|----|
| <223> | | |
| <400> tcgct | 611 caccg gcttaaggtc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | | |
| <400> ctcaco | 612 cggct taaggtcaaa | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 613 ccgtg gtcggctgcg | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gctcac | 614 ccggc ttaaggtcaa | 20 |
| <212> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> cgctca | 615 - ccgg cttaaggtca | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 616 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> tcgctca | 616 accg gcttaaggtc | 20 |
| <210> | 617 | |

V7588.ST25.txt <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 617 ctcaccggct taaggtcaaa 20 <210> 618 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <223> oligonucleotide <400> 618 cccgaccgtg gtcggctgcg 20 <210> 619 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 619 tcaccggctt aaggtcaaac 20 <210> 620 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 620 __caaccctctc tcacactcta 20 <210> 621 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <400> 621 acaaccctct ctcacactct 20 <210> 622 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 622

| ccaca | v7588.ST25 | .txt |
|----------------------------------|--------------------------------|-----------------|
| <211> | DNA | |
| <220> <223> | | |
| <400> aaccc | 623 tctct cacactctag | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> cacaa | 624 ccctc tctëàcactc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> tccaca | 625 aaccc tctctcacac | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 626 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ttccac | 626 caacc ctctctcaca | 20 . |
| <210> <211> <212> <213> | 627 20 : ::: : DNA : | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> accctc | 627 tctc acactctagt | .20 ." · |
| <210> <211> <212> <213> | 628 20 DNA Artificial | |

| | V7588.ST25.txt | |
|--|--|----|
| <220> <223> oligonucleotide | · | |
| <400> 628 gagccaggtt gccgccttcg | • | 20 |
| <210> 629 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 629 aggtcaaacc aactcccatg | | 20 |
| <210> 630 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 630 atgagccagg ttgccgcctt | | 20 |
| <210> 631 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | • | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 631 tgagccaggt tgccgccttc | | 20 |
| <210> 632 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | ٠ |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 632 aggctcctcc acaggcgact | en e | 20 |
| <210> 633 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 633 caggctcctc cacaggcgac | | 20 |
| <210> 634 | | |

V7588.ST25.txt

| <211> <212> <213> | DNA | |
|----------------------------------|--------------------------------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gcaggo | 634 ctcct ccacaggcga | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 635 tcacc ggcttaaggt | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 636 20 | · |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 636 ctcac cggcttaagg | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 637 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 637 gctca ccggcttaag | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 638 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> attcca | 638 Icaac cctctctcac | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 639 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> | 639 | |

PCT/EP2004/010695

WO 2005/031004

WO 2005/031004 PCT/EP2004/010695 V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 645 gggaattcca caaccctctc 20 <210> 646 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 646 aacgcaggct cctccacagg 20 <210> 647 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 647 cggcttaagg tcaaaccaac 20 <210> 648 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 648 ccggcttaag gtcaaaccaa 20 <210> 649 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 649

<210> 650
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial
<220>
<223> oligonucleotide

<223> oligonucleotide
<400> 650
accggcttaa ggtcaaacca
20

<210> 651

20

| ∠ 211 | > 20 | V7588.ST25.txt | |
|----------------------------------|--------------------------------|----------------|----|
| <212 | > DNA > Artificial | | |
| <220 <223 | | | |
| <400 accc | > 651 aacatc cagcacacat | | 20 |
| <210: <211: <212: <213: | > 20 > DNA | | |
| <220: <223: | • • oligonucleotide | | |
| <400> tcgc1 | - 652 gaccc gaccgtggtc | | 20 |
| <211> <212> | 653 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | | | |
| <400> cgctg | 653 acccg accgtggtcg | | 20 |
| <211> | DNA | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gaccc | 654 gaccg tggtcggctg . | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | •• | |
| <400> gctgad | 655 ccga ccgtggtcgg | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> | 656 | | |

<213> Artificial

V7588.ST25.txt

| | | V/588.ST2 | 5.txt | |
|--|------------|-----------|-------|----|
| <220> <223> oligo | nucleotide | | | |
| <400> 662 acgcaggctc c | tccacaggc | | | 20 |
| <210> 663 <211> 20 <212> DNA <213> Artif | icial | | | |
| <220> <223> oligo | nucleotide | | | |
| <400> 663 ctcaggtgtc a | tgcggtatt | | | 20 |
| <210> 664 <211> 20 <212> DNA <213> Artif | icial | | | |
| <220> <223> oligo | nucleotide | | | |
| <400> 664 cgcctttgac co | ctcaggtgt | | | 20 |
| <210> 665 <211> 20 <212> DNA <213> Artif | icial | | | |
| <220> <223> oligor | nucleotide | | | |
| <400> 665 accctcaggt gi | tcatgcggt | · | | 20 |
| <210> 666 <211> 20 <212> DNA <213> Artif | icial | | | |
| <220> <223> oligor | nucleotide | | | |
| <400> 666 cctcaggtgt ca | atgcggtat | | | 20 |
| <210> 667 <211> 20 <212> DNA <213> Artifi | cial | · | | - |
| <220> <223> oligor | nucleotide | | | |
| <400> 667 tttgaccctc ag | ggtgtcatg | | | 20 |
| <210> 668 | | | | |

V7588.ST25.txt <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 668 gaccctcagg tgtcatgcgg 20 <210> 669 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 669 tgaccctcag gtgtcatgcg 20 <210> 670 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 670 gcctttgacc ctcaggtgtc 20 <210> 671 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 671 <210> 672 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 672 ccctcaggtg tcatgcggta 20 <210> 673 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <223> oligonucleotide <400> 673

PCT/EP2004/010695

WO 2005/031004

WO 2005/031004 PCT/EP2004/010695 V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 679 agctatcgat catcgccttg 20 <210> 680 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 680 gctatcgatc atcgccttgg 20 <210> 681 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 681 ctatcgatca tcgccttggt 20 <210> 682 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 682 ttcgtgcgac ttgcatgtgt 20 <210> 683 <211> 20 ... <212> DNA <213> Artificial . . . <220> <223> oligonucleotide <400> 683 tcgatcatcg ccttggtagg 20 <210> 684 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 684 atcgatcatc gccttggtag 20

<210> 685

V7588.ST25.txt

| <211> | 20 | • | |
|----------------|------------------------|-------|----|
| <212> | DNA | | |
| <213> | Artificial | | |
| <220> | | | |
| <223> | oligonucleotide | | |
| | | | |
| <400> | | | 20 |
| cacagg | cgac ttgcgccttt | | 20 |
| | | | |
| <210> | 686 | | |
| <211> <212> | 20 | | |
| <213> | Artificial | | |
| | | | |
| <220> | oligonucleotide | | |
| <223> | origonacieotide | | |
| <400> | | | |
| ccacag | gcga cttgcgcctt | | 20 |
| | | | |
| <210> | 687 | | |
| <211> | 20 | | |
| <212> | DNA Artificial | | |
| \Z13 > | Altificial | | |
| <220> | | | |
| <223> | oligonucleotide | | |
| <400> | 687 | | |
| | ggcg acttgcgcct | | 20 |
| | | | |
| <210> | 688 | | |
| <211> | | | |
| <212> | DNA | | |
| <213> | Artificial | | |
| <220> | | | |
| <223> | oligonucleotide | | |
| -400- | 699 | | |
| | 688 acag gcgacttgcg | | 20 |
| | acag gegaeregeg | | -0 |
| .210 | 600 | | |
| <210> < | . 689 20 | | |
| <212> | DNA | | |
| <213> | Artificial | | |
| <220> | | | |
| <223> | oligonucleotide | | |
| | | | |
| <400> | | | 20 |
| CCTCCa | cagg cgacttgcgc | | 20 |
| | | | |
| <210> | 690 | | |
| <211> <212> | 20 DNA | | |
| <213> | Artificial | | |
| | | | |
| <220> | alimanual aasida | | |
| <223> | oligonucleotide | | |
| <400> | 690 | | |

| WO 2005/031004 | | PCT/EP2004/010695 |
|--|----------------|-------------------|
| ctccacaggc gacttgcgcc | V7588.ST25.txt | 20 |
| <210> 691 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 691 acaggcgact tgcgcctttg | | 20 |
| <210> 692 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 692 gctcaccggc ttaaggtcaa | | 20 |
| <210> 693 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 693 cgctcaccgg cttaaggtca | | 20 |
| <210> 694 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 694 tcgctcaccg~gcttaaggtc | | 20 |
| <210> 695 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 695 ctcaccggct taaggtcaaa | | 20 |
| <210> 696 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |

<400> 696 cccgaccgtg gtcggctgcg 20

<210> 697 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

<220> <223> oligonucleotide

<400> 697 tcaccggctt aaggtcaaac 20

<210> 698 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220>

<223> oligonucleotide

<400> 698 caaccctctc tcacactcta 20

<210> 699 <211> 20

<212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide

<400> 699 acaaccctct ctcacactct 20

<210> 700 <211> 20
<212> DNA
<213> Artificial <220>

<223> oligonucleotide <400> 700

ccacaaccct ctctcacact 20

<210> 701 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

<220> <223> oligonucleotide <400> 701

aaccctctct cacactctag 20

<210> 702

. .

v7588.ST25.txt

| | | v7588.ST2 | 5.txt | | |
|----------------------------------|--------------------------------|-----------|-------|---|------|
| <211> <212> <213> | 20 DNA Artificial | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| <400> cacaac | 702 cctc tctcacactc | | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 703 20 DNA Artificial | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | • |
| | 703 accc tctctcacac | | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 704 20 DNA Artificial | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| <400> ttccac | 704 aacc ctctctcaca | | | | 20 |
| <211> <212> | | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| | 705 tctc acactctagt | | | | 20 . |
| <210> <211> <212> <213> | 706 20 DNA Artificial | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | · | |
| <400> gagcca | 706 ggtt gccgccttcg | | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 707 20 DNA Artificial | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| <400> | 707 | | | | |

V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide

<400> 713 ttcgctcacc ggcttaaggt 20

<210> 714 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

<223> oligonucleotide

<400> 714

20 gttcgctcac cggcttaagg

<210> 715 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

<220> <223> oligonucleotide

<400> 715

20 ggttcgctca ccggcttaag

<210> 716 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

<220> <223> oligonucleotide

<400> 716

20 attccacaac cctctctcac

الاي العالم العملية العالم العالم العملية

<210> 717 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

<223> oligonucleotide

<400> 717 20 tgacccgacc gtggtcggct

<210> 718 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

<220> <223> oligonucleotide

<400> 718 ccctctctca cactctagtc 20

<210> 719

v7588.sT25.txt

| 244 | V/388.5123.txt | |
|----------------------------------|--------------------------------|----|
| <211> <212> <213> | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gaatto | 719 caca accctctctc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> agccag | 720 gttg ccgccttcgc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 721 ttgc cgccttcgcc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ggaatt | 722 ccac aaccetetet | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gggaat | 723 tcca caaccctctc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 724 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> | 724 | |

| aacocao | ggct cctccacagg | 7500.57251 CAC | 20 | |
|----------------------------------|--------------------------------|----------------|----|---|
| aacyca | get ceready | | | |
| <210> <211> <212> <213> | 725 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 725 aagg tcaaaccaac | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 726 taag gtcaaaccaa | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 727 ctta aggtcaaacc | | 20 | |
| <211> <212> | 728 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 728 ttaa ggtcaaacca | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 729 20 DNA Artificial | | | indian digital and a second and a |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> acccaa | 729 catc cagcacacat | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| | | | | |

. . .

| | V/300.3123.CAC | |
|-----------------|---|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> tcgctg | 730 accc gaccgtggtc | 20 |
| <210> | 731 | |
| <211> <212> | 20 DNA | |
| <213> | Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> cgctga | 731 cccg accgtggtcg | 20 |
| <210> <211> | 732 20 | |
| <212> <213> | DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gacccg | 732 accg tggtcggctg | 20 |
| <210> <211> | 733 | |
| <212> | DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> | 733 | 20 |
| gctgac | ccga ccgtggtcgg | 20 |
| <210> <211> | 734 20 · · · · · · · · · · · · · · · · · · · | |
| <212> <213> | DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ctgacc | 734 cgac cgtggtcggc | 20 |
| <210> <211> | 735 20 | |
| <212> <213> | DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> caggcg | 735 actt gcgcctttga | 20 |
| <210> | 736 | |

v7588.sT25.txt

| | V/388.5123.CXC | |
|----------------------------------|-------------------------|----|
| <211> <212> <213> | 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 736 cggta ttagctccag | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 737 ctaat cgaacgcagg | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> catgcg | 738 ggtat tagctccagt | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> cgcagg | 739 gctcc tceacaggcg | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | |
| <220>. <223> | oligonucleotide | |
| <400> acgcag | 740 ggctc ctccacaggc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> | 741 | |

<210> 747 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

WO 2005/031004 PCT/EP2004/010695 V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 747 20 tgaccctcag gtgtcatgcg <210> 748 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 748 20 gcctttgacc-ctcaggtgtc <210> 749 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 749 20 ttgaccctca ggtgtcatgc <210> 750 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 750 20 ccctcaggtg tcatgcggta <210> 751 <211> 20 · · · · · <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 751 cctttgaccc tcaggtgtca. 20 <210> 752 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide

<210> 753

<400> 752

ctttgaccct caggtgtcat

1. _ . 1.

20

| | V7588.ST25.txt | |
|----------------------------------|--|----|
| <211> <212> <213> | 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> agttat | 753 cccc cacccatgga | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ccagct | 754 atcg atcatcgcct | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 755 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> accago | 755 ctatc gatcatcgcc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> cagcta | 756 atcga tcatcgcctt | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 757 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide and the control of t | |
| <400> agctat | 757 ccgat catcgccttg | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 758 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> | 758 | |

V7588.ST25.txt gctatcgatc atcgccttgg 20 <210> 759 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 759 ctatcgatca tcgccttggt 20 <210> 760 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 760 ttcgtgcgac ttgcatgtgt 20 <210> 761 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 761 tcgatcatcg ccttggtagg 20 <210> 762 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> cligonucleotide man and a second of the second <400> 762 atcgatcatc gccttggtag 20

<210> 763 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <223> oligonucleotide <400> 763 cacaggcgac ttgcgccttt 20

<210> 764 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

| | V7588.ST25.txt | |
|----------------------------------|-------------------------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ccacag | 764 ggcga cttgcgcctt | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 765 aggcg acttgcgcct | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 766 cacag gcgacttgcg | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> cctcca | 767 acagg cgacttgcgc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ctccać | 768 taggc gacttgcgcc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 769 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> acaggo | 769 Egact tgcgcctttg | 20 |
| <210> | 770 | |

V7588.ST25.txt <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <223> oligonucleotide <400> 770 tcaccggctt aaggtcaaac 20 <210> 771 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 771 20 caaccctctc tcacactcta <210> 772 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 772 20 acaaccctct ctcacactct <210> 773 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide 20 -- <210> 774 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 774 20 aaccctctct cacactctag <210> 775 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

137/203

<220>

<400> 775

<223> oligonucleotide

| WO 2005/03 | 31004 | | PCT/EP2004/010695 |
|--|-----------------------|----------------|-------------------|
| cacaaccctc to | tcacactc | V7588.ST25.txt | 20 |
| <210> 776 <211> 20 <212> DNA <213> Artifi | cial | | |
| <220> <223> oligon | ucleotide | | |
| <400> 776 tccacaaccc tc | tctcacac | | 20 |
| <210> 777 <211> 20 <212> DNA <213> Artifi | - cial | | |
| <220> <223> oligon | ucleotide | | |
| <400> 777 ttccacaacc ct | ctctcaca | | 20 |
| <210> 778 <211> 20 <212> DNA <213> Artifi | cial | | |
| <220> <223> oligon | ucleotide | | |
| <400> 778 accctctctc ac | actctagt | | 20 |
| <210> 779 <211> 20 <212> DNA <213> Artifi | cial | | |
| <220> <223> oligon | ucleotide | | |
| <400> 779 gagccaggtt gc | cgccttcg | | 20 |
| <210> 780 <211> 20 <212> DNA <213> Artifi | cial | | |
| <220> <223> oligon | ucleotide | | |
| <400> 780 aggtcaaacc aa | ctcccatg | | 20 |
| <210> 781 <211> 20 <212> DNA <213> Artifi | cial | | |

V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 781 atgagccagg ttgccgcctt 20 <210> 782 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 782 tgagccaggt tgccgccttc 20 <210> 783 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 783 aggctcctcc acaggcgact 20 <210> 784 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 784 caggeteete cacaggegae 20 <210> 785 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 785 gcaggctcct ccacaggcga 20 <210> 786 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide

<210> 787

<400> 786

ttcgctcacc ggcttaaggt

20

V7588.ST25.txt

| | | V75 | 88.ST25.tx | t | | |
|----------------------------------|--------------------------------|-----|------------|---|------|---|
| <211> <212> <213> | DNA | | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | | |
| <400> gttcgc | 787 ctcac cggcttaagg | | | | 20 | 0 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | | |
| <400> ggttcg | 788 octca ccggcttaag | | | | 20 |) |
| <210> <211> <212> <213> | DNA | | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | | |
| | 789 caac cctctctcac | | | | 20 |) |
| <210> <211> <212> <213> | 20 · | | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | | |
| | 790 gacc gtggtcggct- | | | | . 20 |) |
| <210> <211> <212> <213> | 791 20 DNA Artificial | | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | | |
| <400> ccctct | 791 ctca cactctagtc | | | | 20 |) |
| <210> <211> <212> <213> | 792 20 DNA Artificial | | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | | |
| <400> | 792 | | | | | |

140/203

| gaatt | ccaca accctctctc | V/300.5123.txt | 20 |
|----------------------------------|--------------------------------|----------------|----|
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> agcca | 793 ggttg ccgccttcgc | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gccago | 794 gttgc cgccttcgcc | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 795 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ggaatt | 795 ccac aaccctctct | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 796 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gggaat | 796 ttcca caaccctctc | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 797 20 DNA Artificial | | · |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> aacgca | 797 ggct cctccacagg | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 798 20 DNA Artificial | | |

v7588.sT25.txt

| | | V/300.5123.LXL | |
|-------------------------|-------------------------|----------------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> | 798 aagg tcaaaccaac | | 20 |
| | | | |
| <210> <211> <212> | 799 20 DNA | | |
| <213> | Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 799 taag gtcaaaccaa | | 20 |
| <210> <211> | | | |
| <212> | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 800 ctta aggtcaaacc | | 20 |
| | | | |
| <210> <211> <212> | 20 | | |
| <213> | Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> accggc | 801 ttaa ggtcaaacca | | 20 |
| <210> | | | |
| <211> <212> <213> | 20 DNA Artificial | | |
| <220> | - | | |
| <223> | oligonucleotide | | |
| <400> acccaa | 802 catc cagcacacat | | 20 |
| <210> <211> | 803 20 | | |
| <212> <213> | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> tcgctga | 803 accc gaccgtggtc | | 20 |
| <210> | 804 | | |
| | | | |

. . . .

| | | /388.S123.TXT | |
|----------------------------------|--------------------------------|---------------|----|
| <211> <212> <213> | 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> cgctga | 804 cccg accgtggtcg | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | DNA | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gacccg | 805 accg tggtcggctg | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gctgac | 806 ccga ccgtggtcgg | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 807 cgac cgtggtcggc | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 808 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> caggcg | 808 actt gcgcctttga | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 809 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> | 809 | | |

V7588.ST25.txt tcatgcggta ttagctccag 20 <210> 810 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 810 actagctaat cgaacgcagg 20 <210> 811 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 811 catgcggtat tagctccagt 20 <210> 812 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 812 cgcaggctcc tccacaggcg 20 <210> 813 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 813 acgcaggctc ctccacaggc 20 <210> 814 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 814 ctcaggtgtc atgcggtatt 20 <210> 815 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 815 cgcctttgac cctcaggtgt 20 <210> 816 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 816 accctcaggt gtcatgcggt 20 <210> 817 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 817 cctcaggtgt catgcggtat 20 <210> 818 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 818 tttgaccctc aggtgtcatg 20 <210> 819 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 819 gaccctcagg tgtcatgcgg 20 <210> 820 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220>

<210> 821

<400> 820

<223> oligonucleotide

tgaccctcag gtgtcatgcg

20

V7588.ST25.txt

| <211> | 20 | |
|-----------------|------------------------|----|
| <212> | DNA | |
| <213> | Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | | |
| <400> | 821 gacc ctcaggtgtc | 20 |
| 90000 | | 20 |
| <210> | 822 | |
| <211> <212> | 20 DNA | |
| <213> | Artificial | |
| <220> | | |
| <223> | oligonucleotide | |
| | 822 | |
| ttgacc | ctca ggtgtcatgc | 20 |
| <210> | 873 | |
| <211> | 20 | |
| <212> <213> | DNA Artificial | |
| <220> | | |
| <223> | oligonucleotide | |
| <400> | 823 | |
| ccctca | ggtg tcatgcggta | 20 |
| .210. | 074 | |
| <210> <211> | 20 | |
| <212> | DNA Artificial | |
| | Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> | | |
| | accc tcaggtgtca | 20 |
| | | |
| <210> <211> | 825 20 | |
| <212> | DNA | |
| <213> | Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | - | |
| <400> ctttga | 825 ccct caggtgtcat | 20 |
| J | | |
| <210> | 826 | |
| <211> <212> | 20 DNA | |
| <213> | Artificial | |
| <220> | | |
| <223> | oligonucleotide | |
| <400> | 826 | |

146/203

| agttatcccc cacccatgga | V7 300.3123. LXC | 20 |
|--|------------------|-------|
| <210> 827 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 827 ccagctatcg atcatcgcct | | 20 |
| <210> 828 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 828 accagctatc gatcatcgcc | | 20 |
| <210> 829 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 829 cagctatcga tcatcgcctt | | 20 |
| <210> 830 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 830 agctatcgat catcgccttg | | 20 |
| <210> 831 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | · Att |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 831 gctatcgatc atcgccttgg | | 20 |
| <210> 832 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |

V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 832 ctatcgatca tcgccttggt 20 <210> 833 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 833 ttcgtgcgac ttgcatgtgt 20 <210> 834 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 834 tcgatcatcg ccttggtagg 20 <210> 835 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 835 atcgatcatc gccttggtag 20 <210> 836 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 836 cacaggcgac ttgcgccttt 20 <210> 837 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 837 ccacaggcga cttgcgcctt

148/203

<210> 838

人名英伊亚马

20

| | V/588.S125.TXT | |
|----------------------------------|--|----|
| <211> <212> <213> | 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> tccaca | 838 ggcg acttgcgcct | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 839 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 839 acag gcgacttgcg | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> cctcca | 840 cagg cgacttgcgc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ctccac | 841 aggc-gacttgcgcc······························ | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> < <223> | oligonucleotide . | |
| | 842 gact tgcgcctttg | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> | 843 | |

WO 2005/031004 PCT/EP2004/010695 V7588.ST25.txt 20 agccccggtt tcccggcgtt <210> 844 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide cgcctttcct ttttcctcca 20 <210> 845 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 845 20 gccccggttt cccggcgtta <210> 846 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 846 gccgcctttc ctttttcctc 20 <210> 847 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 847 tagccccggt ttcccggcgt 20 <210> 848 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 848 20 ccgggtaccg tcaaggcgcc <210> 849 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 849 aagccgcctt tcctttttcc 20 <210> 850 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 850 ccccggtttc ccggcgttat 20 <210> 851 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 851 ccggcgttat cccagtctta 20 <210> 852 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 852 agccgccttt cctttttcct 20 <210> 853 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 853 ccgcctttcc tttttcctcc 20

<220>
<223> oligonucleotide

<400> 854
ttagccccgg tttcccggcg 20

<210> 855

<210> 854 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

| | | 388.5123.TXT | | |
|----------------------------------|--------------------------------|--------------|---|------|
| <211> <212> <213> | 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 855 gtta tcccagtctt | | : | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 856 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 856 tacc gtcaaggcgc | | : | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> ggccgg | 857 gtac cgtcaaggcg | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> tcccgg | 858 cgtt atcccagtct | | : | 20 - |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> tggccg | 859 ggta ccgtcaaggc | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> | 860 | | | |

V7588.ST25.txt

| gaagco | gcct ttcctttttc | V/588.5125.tx | τ | 20 | |
|----------------------------------|------------------------|---------------|---|----|--|
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| <400> cccggt | 861 ttcc cggcgttatc | | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| <400> cggcgt | 862 tatc ccagtcttac | | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| <400> ggcgtt | 863 atcc cagtcttaca | | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| <400> gcgtta | 864 tccc agtcttacag | | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| <400> cgggta | 865 ccgt caaggcgccg | | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | | |

153/203

WO 2005/031004 PCT/EP2004/010695 V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 866 attagccccg gtttcccggc 20 <210> 867 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 867 aaggggaagg ccctgtctcc 20 <210> 868 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 868 ggccctgtct ccagggaggt 20 <210> 869 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 869 aggccctgtc tccagggagg 20 <210> 870 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 870 aaggccctgt ctccagggag 20 <210> 871 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 871 gccctgtctc cagggaggtc 20

<210> 872

V7588.ST25.txt

| | | | V/300.3123 | CAC | | |
|----------|----------------------------------|--------------------------------|-------------|-----|--------|--------------|
| | <211> <212> <213> | 20 DNA Artificial | | | | |
| | <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| | <400> cgttat | 872 ccca gtcttacagg | | | 20 | |
| | <210> <211> <212> <213> | 20 | | | | |
| | <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| | <400> gggtac | 873 cgtc aaggcgccgc | | | 20 | |
| | <210> <211> <212> <213> | 20 | | | | |
| | <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| | <400> cggcaa | 874 caga gttttacgac | | | 20 | |
| | <210> <211> <212> <213> | 20 | | | | |
| | <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| | <400> ggggaa | 875 ggcc ctgtctccag | | | 20 | |
| | <211> <212> | 876 20 DNA Artificial | | | | - |
| . | <220> <223> | oligonucleotide | | | | s |
| | <400> agggga | 876 aggc cctgtctcca | | | 20 | |
| | <210> <211> <212> <213> | 20 | | | | |
| | <220> <223> | oligonucleotide | | | | |
| | <400> | 877 | | | | |

155/203

<210> 883 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

gcacttgttc ttccccggca

<400> 882

20

| V7588.ST25.txt | |
|--|----|
| <220> <223> oligonucleotide | |
| <400> 883 cacttgttct tccccggcaa | 20 |
| <210> 884 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | |
| <220> <223> oligonucleotide | |
| <400> 884 tcttccccgg caacagagtt | 20 |
| <210> 885 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | |
| <220> <223> oligonucleotide | |
| <400> 885 ttgttcttcc ccggcaacag | 20 |
| <210> 886 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | |
| <220> <223> oligonucleotide | |
| <400> 886 acttgttctt ccccggcaac | 20 |
| <210> 887 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | |
| <220> <223> oligonucleotide | |
| <400> 887 tgttcttccc cggcaacaga | 20 |
| <210> 888 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | |
| <220> <223> oligonucleotide | |
| <400> 888 cttgttcttc cccggcaaca | 20 |
| <210> 889 | |

.

v7588.sT25.txt

| | | v7588.sT2 | 5.txt | |
|----------------------------------|--------------------------------|-----------|-------|------|
| <211> <212> <213> | 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> acggca | 889 cttg ttcttccccg | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 890 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 890 cgct aaccttttaa | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 891 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 891 gggt accgtcaagg | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 892 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 892 cggg taccgtcaag | | | 20 - |
| <210> <211> <212> <213> | 893 20 DNA Artificial | | | |
| <220>. <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> ttctgg | 893 ccgg gtaccgtcaa | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 894 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> | 894 | | | |

. :,

| caatgctggc aactaaggtc | V/388.5125.TXT | 20 |
|---|----------------|----------|
| <210> 895 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 895 cgtccgccgc taacctttta | | 20 |
| <210> 896 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 896 cgaagccgcc tttccttttt | | 20 |
| <210> 897 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 897 ccgaagccgc ctttcctttt | | 20 |
| <210> 898 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 898 gccgaagccg cctttccttt | | 20 |
| <210> 899 <211> -20 <212> DNA <213> Artificial | | . (13.1) |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 899 agccgaagcc gcctttcctt | | 20 |
| <210> 900 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |

| | | V/388.5123.TXT | |
|----------------------------------|--------------------------------|----------------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> accgto | 900 aagg cgccgccctg | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ccgtgg | 901 cttt ctggccgggt | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 902 tggc cgggtaccgt | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gccgtg | 903 gctt tctggccggg | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | | | • |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ggcttt | 904 ctgg ccgggtaccg | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 905 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ctttct | 905 ggcc gggtaccgtc | | 20 |
| <210> | 906 | | |

| <211> <212> <213> | DNA | 7750751251CAC | |
|----------------------------------|--------------------------------|---------------|----|
| <220> <223> | | | |
| <400> tggct | 906 ttctg gccgggtacc | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gtggct | 907 tttct ggccgggtac | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 908 ctttc tggccgggta | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> tttcto | 909 ggccg ggtaccgtca | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 910 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gggaag | 910 ggccc tgtctccagg | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 911 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> | 911 | | |

<213> Artificial

<210> 923

| <211> <212> <213> | DNA | V/366.5123.txt | |
|----------------------------------|--------------------------------|----------------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> tgtaag | 923 jtggc agccgaagcc | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | • | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> catcto | 924 Itaag tggcagccga | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> atctgt | 925 aagt ggcagccgaa | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 926 aagc cgcctttcct | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | DNA | | |
| <220>. <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ggcaac | 927 agag ttttacgacc | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 928 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> | 928 | | |

| ccggca | aacag agttttacga | : | 20 |
|----------------------------------|---------------------------|---|----|
| <210> <211> <212> <213> | - 20 | | |
| <220> <223> | | | |
| <400> ttcccc | . 929 cggca acagagtttt | 2 | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | - 20 | | |
| <220> <223> | | | |
| <400> cttccc | 930 ccggc aacagagttt | 2 | 20 |
| <210> <211> <212> | - 20 | | |
| <220> <223> | | | |
| <400> tccccg | 931 ggcaa cagagtttta | 2 | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | · 20 · DNA | | |
| <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ccgtcc | 932 cgccg ctaacctttt | 2 | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 933 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> cttcct | 933 tccga cttacgccgg | 2 | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |

V7588.ST25.txt

| <220> | V/588.5125.txt | |
|----------------------------------|--------------------------------|----|
| <223> | oligonucleotide | |
| <400> cctccg | 934 actt acgccggcag | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 935 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ttcctc | 935 cgac ttacgccggc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> tcctcc | 936 gact tacgccggca | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> tccgac | 937 ttac gccggcagtc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ccgact | 938 tacg_ccggcagtca | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 939 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 939 ctcc gacttacgcc | 20 |
| <210> | 940 | |

166/203

| | | 8.ST25.TXT | |
|----------------------------------|-------------------------|------------|----|
| <211> <212> <213> | 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 940 tccg acttacgccg | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 941 cccg agcaacagag | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ctctcc | 942 ccga gcaacagagc | | 20 |
| <212> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> cgctct | 943 cccc gagcaacaga | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | • |
| <400> ctccga | 944 ctta cgccggcagt | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> | 945 | | |

PCT/EP2004/010695

WO 2005/031004

| | V7588.ST25.txt | |
|----------------------------------|--------------------------------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> actggg | 951 gtgt gtcccccaa | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gcactg | 952 gggt gtgtccccc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> tggggt | 953 gtgt cccccaaca | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> cactcc | 954 agac ttgctcgacc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 955 caga cttgctcgac | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 956 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> cggcac | 956 :tggg gtgtgtcccc | 20 |
| <210> | 957 | |

| | | V7588.ST25.txt | |
|----------------------------------|--------------------------------|----------------|--------|
| <211> <212> <213> | 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 957 cctc cgacttacgc | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 958 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ctcccc | 958 gagc aacagagctt | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 959 gact tgctcgaccg | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220>. <223> | oligonucleotide | | |
| | 960 ccgc tctccccgag · | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 961 cgct ctccccgagc | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 962 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> | 962 | | |

| ccccatgccg ctctccccga | ٧/ ١٥٥٠ ١٤٥٠ ١٨٠ | 20 |
|--|------------------|----|
| <210> 963 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 963 tcactcggta ccgtctcgca | | 20 |
| <210> 964 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 964 catgccgctc tccccgagca | | 20 |
| <210> 965 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 965 atgccgctct ccccgagcaa | | 20 |
| <210> 966 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 966 ttcggcactg gggtgtgtcc | | 20 |
| <210> 967 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | · · · · | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 967 tgccgctctc cccgagcaac | | 20 |
| <210> 968 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |

V7588.ST25.txt

| | | | V | 7588.ST25.1 | txt | | |
|-------------|----------------------------------|--|---|-------------|-----|---|----|
| | <220> <223> | oligonucleotide | | | | | |
| | <400> ttcacto | 968 cag acttgctcga | | | | | 20 |
| < | <210> <211> <212> <213> | 20 | | | | | |
| < < | <220> <223> | oligonucleotide | | | | | |
| | <400> ccgcaa | 969 Igaa gatgcctcct | | | | | 20 |
| < | <210> <211> <212> <213> | 20 | | | | | |
| < < | <220> <223> | oligonucleotide | | | | | |
| | <400> agaagat | 970 gcc tcctcgcggg | | | | · | 20 |
| < | <210> <211> <212> <213> | 20 | | | | | |
| | <220> <223> | oligonucleotide | | | | | |
| | <400> aagaaga | 971 tgc ctcctcgcgg | | | | | 20 |
| | <212> | 972 20 ············· DNA Artificial | | | | | |
| < < | <220> <223> | oligonucleotide | | | | | |
| | | 972 aga tgcctcctcg | | | | | 20 |
| < | <211> <212> | 973 20 DNA Artificial | | | | | |
| < | <220> <223> | oligonucleotide | | | | | |
| | | 973 ctc ctcgcgggcg | | | | | 20 |
| < | <210> | 974 | | | | | |

. . .

172/203

| | | V/588.ST2 | o.txt | |
|----------------------------------|--------------------------------|-----------|-------|----|
| <211> <212> <213> | 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 974 gaag atgcctcctc | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 975 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oʻligonucleotide | | | |
| | 975 gcct cctcgcgggc | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 976 aaga agatgcctcc | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | DNA | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> caagaa | | •••• | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 978 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> tccttc | 978 ggca ctggggtgtg | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 979 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> | 979 | | | |

WO 2005/031004 PCT/EP2004/010695 V7588.ST25.txt ccgctctccc cgagcaacag 20 <210> 980 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 980 tgcctcctcg cgggcgtatc 20 <210> 981 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 981 gacttacgcc ggcagtcacc 20 <210> 982 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 982 ggctcctctc tcagcggccc 20 <210> 983 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 983 ccttcggcac tggggtgtgt 20 <210> 984 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 984 ggggtgtgtc cccccaacac 20

<210> 985 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

v7588.ST25.txt

| | | V7588.S1 | r25.txt | |
|--------------------------------------|--------------------------------|----------|---------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 985 ctcc ccgagcaaca | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> agatgc | 986 ctcc tcgcgggcgt | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 987 gtac cgtctcgcat | | | 20 |
| <211> <212> | | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> ctcact | 988 cggt accgtctcgc | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | | | · · · · | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> gcaaga | 989 agat gcctcctcgc | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 990 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> ctccag | 990 actt gctcgaccgc | | | 20 |
| <210> | 991 | | | |

175/203

v7588.ST25.txt

| | v7588.s | T25.txt | |
|----------------------------------|--------------------------------|---------|----|
| <211> <212> <213> | 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 991 cggc agtcacctgt | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 992 gcact ggggtgtgtc | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ctcgcg | 993 gggcg tatccggcat | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gcctco | 994 ctcgc gggcgtatcc | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 995 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 995 gtacc gtctcgcatg | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 996 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> | 996 | | |

. .

176/203

v7588.sT25.txt

| | V/300.3123. CAC | |
|----------------------------------|---------------------------------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ggtgt | 1002 gtccc cccaacacct | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 1003 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gtgtg | 1003 tcccc ccaacaccta | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> cctcg | 1004 cgggc gtatccggca | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | |
| <220> <223> | | |
| <400> cctca | 1005 ctcgg taccgtctcg | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> tcctc | 1006 actcg gtaccgtctc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | |
| <220> <223> | | |
| <400> tcgcg | 1007 ggcgt atccggcatt | 20 |
| <210> | 1008 | |

V7588.ST25.txt

| | V/388.5123. LXC | |
|----------------------------------|---------------------------------|----|
| <211> <212> <213> | 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 1008 etcca gacttgctcg | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 1009 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> tacgcc | 1009 ggca gtcacctgtg | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> tccaga | 1010 acttg ctcgaccgcc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ctcggt | 1011 caccg tctcgcatgg | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> cgcggg | 1012 gcgta tccggcatta | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> | 1013 | |

179/203

·. : .

| gggctc | ctct ctcagcggcc | 20 |
|----------------------------------|-------------------------|----|
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> tccccg | 1015 agca acagagcttt | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ccccga | 1016 gcaa cagagcttta | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | | |

<400> 1017 -20 ccgagcaaca gagctttaca <210> 1018 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 1018

20 ccatcccatg gttgagccat

<210> 1019 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

<400> 1014

| | | V7588.ST25.txt | | |
|----------------------------------|---------------------------------|----------------|-------|-----------|
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 1019 cccc aacacctagc | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 1020 gtat ccggcattag | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> cgagcg | 1021 gctt tttgggtttc | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> ctttca | 1022 ctcc agacttgctc | | 20 | |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 1023 cggc actggggtgt | | 20 :: | a, *• € . |
| <211> <212> | 1024 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> ccgcct | 1024 tcct ccgacttacg | | 20 | |
| <210> | 1025 | | | |

.. .

| | | V/388.5123.CXC | |
|----------------------------------|---------------------------------|----------------|----|
| <211> <212> <213> | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 1025 ttcc tccgacttac | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 1026 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> cctcct | 1026 cgcg ggcgtatccg | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> tcctcg | 1027 cggg cgtatccggc | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> cattag | 1028 cgcc cgtttccggg " "" | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gcatta | 1029 gcgc ccgtttccgg | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 1030 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> | 1030 - | | |

..'.

ccttcctccg acttgcgccg gc

<210> 1036 <211> 22 <212> DNA <213> Artificial 22

20

20

20

20

20

and the same and

<210> 1038 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

<400> 1037

<220>

<220> <223> oligonucleotide <400> 1038

<223> oligonucleotide

accgtctcac aaggagcttt

taccgtctca caaggagctt

<210> 1039 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

<220> <223> oligonucleotide

<400> 1039 gtaccgtctc acaaggagct

<210> 1040 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220>

<223> oligonucleotide

<400> 1040 gcctacccgt gtattatccg

<210> 1041 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

<220> <223> oligonucleotide

<400> 1041 ccgtctcaca aggagctttc

<210> 1042

| <211> <212> <213> | 20 DNA Artificial | |
|----------------------------------|---------------------------------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ctaccc | 1042 gtgt attatccggc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 1043 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ggtacc | 1043 gtct cacaaggagc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 1044 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 1044 acaa ggagctttcc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 1045 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> tctcac | 1045 aagg agctttccac | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 1046 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> taccco | 1046 ytgta ttatccggca | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 1047 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> | 1047 | |

PCT/EP2004/010695

| gtctcacaag gagctttcca | V7588.ST25.txt | 20 | |
|---|----------------|---------------|----|
| gicicacaag gagerrieea | | 20 | |
| <210> 1048 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | | |
| <400> 1048 acccgtgtat tatccggcat | | 20 | |
| <210> 1049 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | · | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | | |
| <400> 1049 ctcggtaccg tctcacaagg | | 20 | |
| <210> 1050 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | | |
| <400> 1050 cggtaccgtc tcacaaggag | | 20 | |
| <210> 1051 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | | |
| <pre><220> <223> oligonucleotide</pre> | | • • • • • • • | |
| <400> 1051 actcggtacc gtctcacaag | | 20 | |
| <210> 1052 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | i | | ম. |
| <220> <223> oligonucleotide | | | |
| <400> 1052 cggctggctc cataacggtt | | 20 | |
| <210> 1053 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | | |

v7588.sT25.txt

| | | V/588.S[25.txt | |
|------------|--------------------------|---------------------------------|----|
| <22 <22 | | oligonucleotide | |
| <40 aca | | 1053 agat gcctacccgt | 20 |
| <21 <21 | 10> 11> 12> 13> | 1054 20 DNA Artificial | |
| <27 <27 | | oligonucleotide | |
| <40 tgg |)0> jctc | 1054 cata acggttacct | 20 |
| <2: <2: | L1> L2> | 1055 20 DNA Artificial | |
| | 20> 23> | oligonucleotide | |
| | | 1055 gatg cctacccgtg | 20 |
| <2: <2: | 11> 12> | 1056 20 DNA Artificial | |
| <2: <2: | 20> 23> | oligonucleotide | |
| | | 1056 taga tgcctacccg | 20 |
| <2 | 12> | 1057 20 DNA Artificial | |
| | 20> 23> | oligonucleotide | |
| <4 99 | 00> ctcc | 1057 ataa cggttacctc | 20 |
| <2 <2 | 10> 11> 12> 13> | 1058 20 DNA Artificial | |
| <2 <2 | 20> 23> | oligonucleotide | |
| <4 ac | 00> acaa | 1058 ugtag atgcctaccc | 20 |
| <2 | 10> | 1059 | |

in the second second

| | | V/366.5123. LXL | |
|----------------------------------|---------------------------------|-----------------|----|
| <211> <212> <213> | 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ctggct | 1059 ccat aacggttacc | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 1060 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gctggc | 1060 tcca taacggttac | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ggctgg | 1061 ctcc ataacggtta | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> gctcca | 1062 taac ggttacctca | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | - | |
| <400> aagtag | 1063 patgc ctacccgtgt | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | DNA | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> | 1064 | | |

<400> 1066
tcggtaccgt ctcacaagga 20

<210> 1067
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial

<223> Artificial
<220>
<223> oligonucleotide

<400> 1067 ctcacaagga gctttccact 20

<210> 1068
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial
<220>
<223> oligonucleotide

<400> 1068 -gtagatgcct acccgtgtat 20

<210> 1069 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

<220>
<223> oligonucleotide

<400> 1069
cctacccqtq tattatccqq 20

cctacccgtg tattatccgg
<210> 1070

<210> 1070 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

| | V/388.5125.txt | |
|----------------------------------|---------------------------------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> cactcg | 1070 gtac cgtctcacaa | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 1071 gatg cagttgcatc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 1072 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 1072 tgcc tacccgtgta | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gcggct | 1073 ggct ccataacggt | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ccaaag | 1074 caat cccaaggttg | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 1075 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> tccata | 1075 acgg ttacctcacc | 20 |
| <210> | 1076 | |

| | | V/388.5123.txt | |
|----------------------------------|---------------------------------|----------------|----|
| <211> <212> <213> | 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> cccgtg | 1076 tatt atccggcatt | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 1077 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> tctcag | 1077 cgat gcagttgcat | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 1078 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ccataa | 1078 cggt tacctcaccg | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> tcagcg | 1079 atgc agttgcatct | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ggcggc | 1080 tggc tccataacgg | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 1081 20 DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> | 1081 | | |

tcacaaggag ctttccactc

<210> 1087 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

V7588.ST25.txt

| | | V/386.5125.tac | |
|----------------------------------|---------------------------------|----------------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> cagcga | 1087 tgca gttgcatctt | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 1088 20 DNA Artificial | · | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 1088 gctt tccactctcc | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ccagto | 1089 tgaa aggcagattg | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> cagtct | 1090 gaaa ggcagattgc | | 20 |
| <211><212> | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 1091 ctgg ctccataacg | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> cctct | 1092 ctcag cgatgcagtt | | 20 |
| <210> | 1093 | | |

. . ..

-- . . .

193/203

V7588.ST25.txt

| | | V7588.ST25.txt | | |
|----------------------------------|---------------------------------|----------------|---|----|
| <211> <212> <213> | 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 1093 cagc gatgcagttg | • | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 1094 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> tctctc | 1094 agcg atgcagttgc | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 1095 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| | 1095 gcga tgcagttgca | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | · | |
| | 1096 caag gttgagcctt | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 1097 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | . ~ | | |
| <400> aatccc | 1097 aagg ttgagccttg | | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 1098 20 DNA Artificial | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | | |
| <400> | 1098 | | | |

194/203

| agcaatccca aggttgagcc | V/588.ST25.txt | 20 |
|---|----------------|----|
| <210> 1099 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 1099 ctcactcggt accgtctcac | | 20 |
| <210> 1100 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | | |
| <400> 1100 gcaatcccaa ggttgagcct | | 20 |
| <210> 1101 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | . | |
| <400> 1101 gccttggact ttcacttcag | | 20 |
| <210> 1102 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |
| <220> <223> oligonucleotide | · | • |
| <400> 1102 cataacggtt acctcaccga | | 20 |
| <210> 1103 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | · · | |
| <220> <223> oligonucleotide | 2 | |
| <400> 1103 ctcctctctc agcgatgcag | | 20 |
| <210> 1104 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial | | |

-

| | | | V/388.5123.LXL | |
|---|------------------------------|---------------------------------|----------------|----|
| | 220> 223> | oligonucleotide | | |
| | | 1104 ctg gctccataac | 2 | 0 |
| <2 <2 | 21 1> 212> | | | |
| | 220> 223> | oligonucleotide | | |
| | | 1105 aag gcagattgcc | 2 | 0 |
| <2 <2 | 210> 211> 212> 213> | 20 | | |
| | 220> 223> | oligonucleotide | | |
| | | 1106 tca gcgatgcagt | 2 | 20 |
| <2 <2 | 210> 211> 212> 213> | 20 | | |
| | 220> 223> | oligonucleotide | | |
| | 400> ccaagg | 1107 ttg agccttggac | 2 | 20 |
| · · · </td <td>212></td> <td>20</td> <td></td> <td></td> | 212> | 20 | | |
| | 220> 223> | oligonucleotide | | |
| <4 a1 | 400> taacgg | 1108 tta cctcaccgac | 2 | 0 |
| | 211> 212> | 1109 20 DNA Artificial | | |
| | 220> 223> | oligonucleotide | | |
| | | 1109 gtt gagccttgga | 2 | 0 |
| < | 210> | 1110 | | |

Carried State of the Control of the

| <212> | 20 | | |
|---|--|---|---------------------|
| | DNA Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> attato | 1110 cggc attagcaccc | | 20 |
| <211> <212> | | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> ctacgt | 1111 gctg gtaacacaga | | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 1112 agcc ccgaagggct | | 20 |
| <210> | 1113 | | |
| <211> <212> | DNA Artificial | | |
| <211> <212> | DNA | | |
| <211> <212> <213> <220> <223> <400> | DNA Artificial | • : • • • • • • • • • • • • • • • • • • | · · · · 20· · · · · |
| <211> <212> <213> <220> <223> <400> | DNA Artificial oligonucleotide 1113 | • | · · · · 20· · · · · |
| <211> <212> <213> <220> <223> <400> ctagco <210> <211> <211> <212> | DNA Artificial oligonucleotide 1113 ccga agggctcgct | · . · · · · · · · · · · · · · · · · · · | · · · · 20· · · · · |
| <211> <212> <213> <220> <223> <400> ctagco <211> <211> <212> <213> <400> <400> | DNA Artificial oligonucleotide 1113 ccga agggctcgct 1114 20 DNA Artificial | | |
| <211> <212> <213> <220> <223> <400> ctagco <211> <211> <212> <213> <400> <400> | DNA Artificial oligonucleotide 1113 ccga agggctcgct 1114 20 DNA Artificial oligonucleotide 1114 cccc gaagggctcg | | |
| <211> <212> <213> <220> <223> <400> ctagco <211> <211> <212> <213> <400> cgctag <210> <221> <213> | DNA Artificial oligonucleotide 1113 ccga agggctcgct 1114 20 DNA Artificial oligonucleotide 1114 cccc gaagggctcg | | |

WO 2005/031004 PCT/EP2004/010695 v7588.ST25.txt 20 agccccgaag ggctcgctcg <210> 1116 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 1116 20 ccgctagccc cgaagggctc <210> 1117 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 1117 20 tagccccgaa gggctcgctc <210> 1118 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 1118 20 gctagcccg aagggctcgc <210> 1119 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

<220> <223> oligonucleotide

<400> 1119 20 gccccgaagg gctcgctcga

<210> 1120 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide

<400> 1120 20 atcccaaggt tgagccttgg

<210> 1121 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

PCT/EP2004/010695

| | V/588.ST25.txt | |
|----------------------------------|---------------------------------|----|
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> gagcct | 1121 tgga ctttcacttc | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 1122 20 DNA Artificial | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> caaggt | 1122 tgag ccttggactt | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| | 1123 tcca ctctccttgt | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ccaagg | 1124 ttga gccttggact | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | 20 | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> cgggct | 1125 cctc tctcagcgat | 20 |
| <210> <211> <212> <213> | DNA | |
| <220> <223> | oligonucleotide | |
| <400> ggagct | 1126 ttcc actctccttg | 20 |
| <210> | 1127 | |

PCT/EP2004/010695

| <211> | 20 | *************************************** | |
|----------------|-------------------------|---|----|
| <212> <213> | DNA Artificial | | |
| | Alciticia | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | 1127 | | 20 |
| gggccc | ctct ctcagcgatg | | 20 |
| <210> | 1128 | | |
| <211> <212> | 20 | | |
| <213> | | | |
| <220> | | | |
| <223> | oligonucleotide | | |
| <400> | 1128 tgtc gctctccccg | | 20 |
| ccccc | tgte geteteeteg | | 20 |
| <210> | 1129 | | |
| <211> <212> | 20 DNA | | |
| <213> | Artificial | | |
| <220> | 7. 7 | | |
| <223> | oligonucleotide | | |
| <400> | 1129 tcgc tctccccgag | | 20 |
| ccccg | | | |
| <210> | 1130 | | |
| <211> <212> | DNA | | |
| <213> | Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| | | | |
| <400> | 1130 ccac tctccttgtc | | 20 |
| | _ | | |
| <210> | 1131 20 | | |
| <211> <212> | DNA | | |
| <213> | Artificial | | |
| <220> <223> | oligonucleotide | | |
| <400> | | | |
| ccactc | tcct tgtcgctctc | | 20 |
| <210> | 1132 | | |
| <211> | 20 | | |
| <212> <213> | DNA Artificial | | |
| <220> | oligonyelostida | | |
| <223> | oligonucleotide | | |
| <400> | 1132 | | |
| | | | |

WO 2005/031004 PCT/EP2004/010695 V7588.ST25.txt ggctcctctc tcagcgatgc 20 <210> 1133 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 1133 ccttgtcgct ctccccgagc 20 <210> 1134 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 1134 cactctcctt gtcgctctcc 20 <210> 1135 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 1135 actctccttg tcgctctccc 20 <210> 1136 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 1136 ctctccttgt cgctctcccc 20 <210> 1137 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 1137 gcgggctcct ctctcagcga 20

<210> 1138 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial

WO 2005/031004 PCT/EP2004/010695 V7588.ST25.txt <220> <223> oligonucleotide <400> 1138 ggctccatca tggttacctc 20 <210> 1139 <211> 22 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 1139 ccgtctccta aggagctttc ca 22 <210> 1140 <211> 22 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 1140 tccctcctta acggttacct ca 22 <210> 1141 <211> 22 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 1141 tggctccata awggttacct ca 22 <210> 1142 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 1142 cttcctccgg cttgcgccgg 20

<210> 1143 <211> 20 <212> DNA <213> Artificial <220> <223> oligonucleotide <400> 1143 cgctcttccc gaktgactga

<210> 1144

V7588.ST25.txt

<211> 20 <212> DNA <213> Artificial

<220> <223> oligonucleotide

<400> 1144 cctcgggctc ctccatcwgc

20

This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning Operations and is not part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

| ☐ BLACK BORDERS |
|---|
| ☐ IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES |
| ☐ FADED TEXT OR DRAWING |
| BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING |
| ☐ SKEWED/SLANTED IMAGES |
| ☐ COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS |
| ☐ GRAY SCALE DOCUMENTS |
| LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT |
| ☐ REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY |
| · |

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

☐ OTHER: _

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.